

CTTGGTTTGA TTTTAGGCAA GGTAATGGTT AATAACCCAT TTTCAAACT AGCAGTAATA 1920  
TGTTCCTTAT CAACAGCTTC AAAATCAAAT TGACGCATTA ATGATTGAA GTTACGCTCA 1980  
5 TCTAAAATGA GTTGTTCAGA TTTGTATTTT GCGCTTCTAG TAGCTTGAAT AGTGAGCGWA 2040  
TTAttATTGA AATCgATACT AATAtCTccC TG 2072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 231:

20 CGTCTTCTCT TGGTTATTCT CTGTGTTTGG TCTTTGTTCA AATTCGATTT TTTGTTGTTT 60  
GAATGAATGT AATACTTTAT TTTTTTTGG CACATAATCC AAGTnATTTT TAGGAATTAA 120  
TATACGGTCT TTAAATGCTT CTGTATTTT GCTCACAATC AATTGGTATA GTTGCTCTTC 180  
25 TTTTGATAAA CGCACTTCTA GTTTTGTGG ATGAACATTT ACGTCTACTA AGATTGGATC 240  
CATTCAATA TTAATATAAC AAATCGGGAA CCTACCTATT GTTAAGAGTG TATGATAGCC 300  
TTCTAAAATC GCTTTATTTA GCATAAAGTT TTTAATGTAT CGTCCATTAA TAAAAATAGA 360  
30 AATATAGTGC TTATTACTTC TAGAATGTTC AGGCTTTGCA ACAAACCTT CAATGTGATA 420  
ATCACTTGTA TCTCCAGATA TATGTAATA ATCTCGTGCA ACTTTCATCC CATAAATCTC 480  
35 TGCCATCACT TCATTAGTTC GTCTGAACC ATTTGTACTT AACATTGTTT TGCCATCTGA 540  
AATGAGTGCT ATTCGAATGT CCGGATGGCT CATTGCCATT CTGTTGACAA TATCTGTTAT 600  
TTTACCTAGT TCAGTGATA AACTTTTAAT ATATTTTAAA CGTGCTGGTG TATTATAAAA 660  
40 TAATGATTCT ACAAGTATAT CTGTTCCTTT TTTGCTTTT GCAGGCTTAT GATTTAATAT 720  
TTCACCATT TCTACATATA TTTCATTTCC ATTAGCATT TCCGTGCAAG TCTTCAATGT 780  
TACTTTAGCA ACTGATGAAA TACTGGCTAG TGCTTCACCA CGGAATCCTA ATGTCCTAAT 840  
45 ATGAAATAAA TCTTCATCTT GATCTAATTT ACTAGTCGCA TGTCTATGAA ATACTAATCC 900  
TAAGTCTTCC GCTTCAATTC CGCTTCCATT ATCGACTACG CGAATAGATT GGACGCCAGA 960  
50 TCTCTTACT TCAATGCTTA TTTCTGTAGC GCCTGCATCT ATAGCATTTT CCAACAGTTC 1020  
TTTCAACA GAACTCGGTC TTTCAACTAC TTCACCTGCT GCGATTTTAT TTGCTAATGA 1080  
GGTTTGAGT TCTTTAATTT TCCCCATTTT GCAACACCTC TATTTTAATT GATTTTGTAA 1140

	TTGTAGTTCA ATCTCGCTTT TTTGATCATT TTCAAACAAA TcAAATGATG CyTGTTCAAAA	1260
	GTCTTTTTGA GATAAAGTAT CaGTTGTTTC TTCaACACTT aAGTTTAAAT TTTCTTGATT	1320
5	AATTTCCAGG TTCATTTTCG ACCATTTTTA AATTTGATAT CGATGATtTT TCACCAGCAG	1380
	ACGCTTCAAA CTCGCTTAGA ATCACTTGTG CTCTGCTAAT AACTTTTTCA GGTAAATCAG	1440
10	CTAATTTTCG AACTTGAATA CCATAAtATC GTCAACTGCA CCATCTTTGA CTTTATGCAA	1500
	GAATATAAGT TCACCTTTAT ATTCATTAGC AGCGACGTGA ACATTTTTTA GACTTGGTAA	1560
	TGCTTGATCT AATGTTGTCA ATTCATGATA ATGTGTTGAA AATAACGTTT TAGCATGTGA	1620
15	TGTTTCAGCT ACATACTCTA TCATTGCCTG CGCTAAAGCT AAACCGTCAT ACGTTGAAGT	1680
	ACCACGTCCA ATTTCATCGA AAATAATCAA ACTATCCTCT GTTGCATAAG TTAATGCCTT	1740
	TTGTGCTTCT AGCATTTCTA CCATAAACGT ACTCTTACCT GAAACCAAAT CATCTGCCGC	1800
20	ACCTATTCTA GTGAATATTT GATCAAATAT AGGTAACACT GCCTCTTTAC AAGGGACATA	1860
	AGCTCCCAAT TGGGCCATTA TACTAATTAT GGCAACTTGT CTCATATATG TCGATTTACC	1920
	AGACATATTC GGACCTGTAA TTAAATATAT AAATGTTTCA TTATCTAATC GACAATTATT	1980
25	AGGCACATAG TCATTATAAT CCATTACTCT TTCCACTACT GGGTGCCTAG ATTCCACTAA	2040
	TTCTAATGTT TTATTTTTCAC TAAATGAAGG CCTAGTGTA TATATTTTTT GAGCAATTTT	2100
30	TGCAAAGCTC TGTAACAAT CTAGCTCTGA AATAATTTTA GCTTGTGTT GTAAACGTTC	2160
	AGTATATTTT TTAACCTCTT CACGTAGCTG AACAAATAAT TGATATTCTA ATTCGATGGC	2220
	TTTGTCTTCC GCACCTAAAA TGATATCTTC TTTTCTTTA AGTTCATCAG TTATAAAACG	2280
35	TTCAGCATTC GATAACGTTT GCTTCCTCAT ATAACCAAAT TCACCTGGTT CAAAATTTTG	2340
	CAAGTTGGCA CGTGTTATTT CTATAAAATA ACCAAACACT TTATTAAAGC TTATTTTCAA	2400
	TGATTTTATT CCTGTACGTT GTCTTTCTTT GGCTTGTAAT TCTGCTAACC ATGTTTTTCC	2460
40	GTTTTTTGAA GCTTCAAGAT ATTCATCTAA TTGCGTATTA AAACCAACTT TGAATAGTCC	2520
	GCCATCTTTA ACTGAAATTG GTGGTTCTTC TACTAAACTC TGTCTAATA TATCAAGTAA	2580
	ATCATCaAGG GGTTCTAGTT GATTAACTTG TACAAGAGTA TTCTGATTCA TAGAATTTAG	2640
45	TAATGCTTTA ATATTCGGTA TTTCAGAAAT GGAATGTTTA AGTTGAATTA AATCTCTCGC	2700
	ATTAACATTT CCGTAACTAA CACGCCCAAC AAGACGTTCA ATATCATACA CTTGATTAAG	2760
50	ATATGTTCTT AAGGTGTCTC TTTCTATGAA ATGAGCACTA AATTCATCAA CGATATCTAA	2820
	TCGTGCTTCA ATTTGTTCTT TACTTATTAG TGGTCTATCT ATCCATTGTT TTAAGCGGCG	2880
55	TGCTCCCAAT GGTGTTTTTCG TTTCGTCCAT TAGCCAAAGT AGCGTTCCTT TTTTTGATTT	2940

ATCTATAGCT GCATATTGAA CAACATCCTC GATATGCGAT AAATCACGTT TTTGTGTATG 3060  
 ATGAATATAA TCTAGCAATA ATTGTGTCGC TTGATACaTT AATTTATGTT CAGTTTGATT 3120  
 5 CACACTATAG ATTtCTGATG ATAACGTTTC CCTGACTGT 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1238 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 232:

TAAGCGAGAA GCAATTGGTG TTATGTATGC TAGTGATAAA CCAACAGGTG AAAGTACAAG 60  
 20 GTCATTTGCT GTTTATTTCT CTCCTGAAAT TAAGAAATTT ATTGCAGATA ATTTAGATAA 120  
 ATAAATCATC CATCCATACA TTGATAAATG ATTTTyAGAA ATTAACAACA AAATCAACAA 180  
 TTTTAAACAT CTCTGTGATT CTATTTATTC GAAATGATTT AAAAAATAAA ACTTCAAAAA 240  
 25 CCTAACCTTA TATTTATACG AATACTTAGA GGAGCACAAA AATGAATAAA AATATAATCA 300  
 TCAAAAGTAT TGCAGCATTG ACGATTTTAA CATCAGTGAC TGGCGTCGGC ACAACAGTGG 360  
 TTGAGGGTAT TCAACAAACG GCTAAAGCTG AACATAATGT GAAACTAATC AAAAATACTA 420  
 30 ATGTAGCACC ATACAATGGT GTCGTTTCGA TAGGATCTGG AACAGGTTTC ATTGTCGGTA 480  
 AAAATACAAT TGTTACCAAC AAGCATGTCTG TTGCAGGTAT GGAAATTGGT GCACATATTA 540  
 TAGCGCATCC CAATGGTGAA TATAATAATG GCGGATTTTA TAAAGTTAAA AAAATTGTCC 600  
 35 GTTATTCAGG TCAAGAAGAT ATTGCCATTC TACATGTGGA AGATAAAGCT GTTCATCCAA 660  
 AAAACAGGAA TTTTAAAGAT TACACAGGCA TTTTAAAAAT AGCATCAGAA GCTAAAGAAA 720  
 40 ATGAACGCAT TTCAATTGTT GGCTATCCAG AACCATATAT AAATAAATTT CAAATGTATG 780  
 AGTCAACAGG AAAAGTGCTG TCAGTTAAAG GCAACATGAT TATTACTGAT GCTTTCGTAG 840  
 AACCAGGCAA CTCAGGTTCA GCTGTATTTA ACAGTAAATA CGAaGtTGTA GGTGTTCACT 900  
 45 TTGGTGGA AAA CGGCCCTGGA AATAAAAGTA CAAAAGGATA TGGTGTtTAT TTCTCTCCTG 960  
 AAATTAAGAA ATTCATTGCA GATAACACAG ATAAATAAAT CCTTACATAG ATAAATGATT 1020  
 50 TTAAAAATTA ACAACAACT CAACaATTCA AATCATCTCT GTGATTCCAT TTATTGAAA 1080  
 TGATTAAAAA AAATAAACT TCAAAAAGCT AACATTATAA TTATACAAAT ACTTAGAGGA 1140  
 GCAGAAAAAT GaATAAAAT ATAATCATCA AAAGTATTGC AGCATTGGAC GATTTTTAAC 1200

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 233:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6444 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 233:

```

TGATAAGTCA TTTAAATTGT CACCTATTGA CATGACTTCT TTCATTTCAA TCCCTAATCT      60
TTCGGCAATT GTTTCTAGCG CAATACCTTT TTGTGCATCT GAATGCGTTA TTTCTATATT      120
TCCTCTCGAA GATGATGATA TAGCTAAATT CGGAGAKTCA GCTAAAATTT TACTAGCTTT      180
GTCAATTTTT TCTAAATTTC CATCAAATGC TAATATTTTC ATAATTAATT CACCAGGTAT      240
GTTTTCAATA GCATCATAAT TATCAACAAC TyTCAACGTA CCATTATCTA TCGCTCTTTG      300
AATACCATTT TTAATACGCT CAACGTTTGC ATGTTGACCT GCACGCTCAG CAATATCTAT      360
GTAAATGTCT AAATCTCTTT GTGGATCTTC AGTATAAATC GCACGACTCG TGTATACTTG      420
ATAATAAATA CCTGCATCTT TTAAAACATT TGTAATTTTG TGTACTAACG ATTTATTAAG      480
GTGTGAAGTG CTCATTACAT TGAAAGTTTC ATCACGTACT TCAGCACCAT TCAAACAAAT      540
ATATGGTACT GTTAAATCTG TGTCAGCAAC TGGTGCTTGk GCTTCATAAA ATGCTCGACC      600
TGTCGCGATA ACAACCGTTA TCCCTTGTTT TTAGAGCGTAT TTAATCGCAT CAATATTAGG      660
TTGAGAAATT TCATGTGCTG CATTAAGTAG CGTGCCATCC ATATCAGTGG CTATTAGTTT      720
TATCATTATG TnACCTCGTT TCGTAAATnT AAAATCTTGT TCTTAAATAA GrATATATAC      780
TCAGCGCACA TACTTTtCTA TTAmCATTTA TATkGTCATT aATTTATCAT ATAATGTAAT      840
TCTaACAAAT nTTAAAtAGT ATGTACTATC GTCTAATTGG TGGATTTCTT ATTGGCTCTT      900
AAgTTTTTTAA AAAATGTTGT TAATAATGTG CTACATGCTT CTTTAAGTAC ACCTTTATCA      960
ACAATTGCAC GATGATTAAA ATTAGATTGT TGCAATAAAT TCATTAAACT GCcACTACAA      1020
CCACCTTTAG GATCATCTGC GCCATAGACG ACTCTTGGAA TGCGACTCAT TACAATTGTT      1080
CCTGCGCACA TGACACATGG TTCTAAGGTT ACATATAATG TGCAACCTTC TAAACGCCAA      1140
CTACCTAACA CTTTGGCTGC ACGTTCAATT GCAATATGTT CAGCATGCGC CGTTGGTTGT      1200
TGTAGTGTTT CTCTTaAATT ATGTGCTCTA GCGATAACTT CATCATCTTT AGTGATGATA      1260
GCACCTATAG GTACTTCGCC TAGTTGAGCT GCTTTTTTtag CTTCTTCAAT CGCTAATGTC      1320
ATAAAATATA TATCATTTGT CATTTATGTC CAGATACCTC ACTTATGGTA CAATACTCAA      1380

```

	CTATTGGCGT	AGGTAAATCT	TCACCTGCAC	ACAAATTAAG	TCAAACCTTA	GATTTTTATG	1500
	AAGAAAAAGA	AATCATCACA	GAAAATCCAT	TTTTATCAGA	CTTTTATGAA	GATATCTCTA	1560
5	AATGGAGTTT	TCAAAC TGAA	ATGTTCTTTT	TATGCAATAG	ATATAAGCAA	TTTCAAGATG	1620
	TAACACAAC T	AAATCAAGGT	G TAGT TAGTG	ATTATCATAT	ACATAAAAAAT	AAGATATTTG	1680
	CTAAAAATAC	TTTGAGTTCT	GTTGAATTC	AGAAATTCAG	TAAAAATTAT	GATATTTTAA	1740
10	CTGAAGATAT	GATTATGCCG	AATATGATTA	TCTTTTTAGA	TGCAGACCTT	GATGTGT TAA	1800
	AATCTAGAAT	TGCTAAACGT	AACCGTAGTT	TTGAGCATCA	AATAGAAgtG	AtAcTGTAgt	1860
	TTAAAAAAG	ATTATCGTGA	GTATTATGAG	TCCTTACAAA	GTAATGGTTC	AAATGTAGTT	1920
15	TTAATCGATA	CnACTTCTAT	TGATTTTCTT	AAAAATGAAC	AAGATTACGA	AGATATATTA	1980
	CATATTATAT	TACCTATGAT	AGGAGATATT	ACCAATGAAT	AATTACGGTA	TTCCACAAAA	2040
20	TGCCATTATA	ACCATTGCAG	GTACAGTTGG	TGTTGGAAAA	TCAACACTAA	sgCAAGCACT	2100
	TGCAGATAAA	TTAAACCTTA	AAACGTCTTT	TGAAAATGTC	GAACATAATC	CATATTTAGA	2160
	TAAATTTTAC	AGCGATTTTG	AACGATGGAG	TTTCCATTTG	CAAATTTACT	TCTTAGCTGA	2220
25	ACGTTTTTAA	GAACAAAAGC	GTATGTTTGA	ATATGGTGGT	GGCTTTGTCC	AAGATCGATC	2280
	AATTTATGAA	GATGTTGATA	TTTTTGCAAA	AATGCATGAA	GAAGAAGGCA	CAATGAGTAA	2340
	AGAAGATTTT	AAAACATATT	CAGACTTATT	TAATGCCATG	GTCATGACAC	CTTATTTTCC	2400
30	TAAACCTGAT	GTAATGATTT	ATTTAgAATG	TAAC TATGAT	GAGGTCATTG	ATCGTATTAT	2460
	TGAACGTGGT	CGCGAAATGG	AAATTAATAC	AGACCCTGAA	TACTGGAAAA	AGCTATTTAA	2520
35	ACGCTATGAC	GATTGGATTA	ATAGCTTTAA	TGCATGTCCA	GTTGTACGTA	TCAATATTAA	2580
	TGAATATGAT	ATCCATAAGG	ACCCCGAATC	TTTAAATCCT	ATGATAAACA	AAATTGCTCG	2640
	AATTATTCAA	ACATATCGAC	AAGTAGATAC	ACGATAAAAG	ACTAAAGACA	TAGCGTATAT	2700
40	GTTTATATTC	AATGTATATT	CCATAGATAT	TATCGATTAT	TTTATCAATT	CTATCGAATA	2760
	CATTAATTCA	CATATACACT	ATGTCTTTCT	TTTTAATTTA	AAGCTTCTAA	AATATCTGCC	2820
	GCACTATTTA	AAATAATATC	AGCTTCATGT	AATTCTTCTT	TTGTTGCAAT	ACCTGTTAAT	2880
45	ACACCTATTG	CCATACCTAA	ATTTGCATTA	CTTGCTGTCT	TCATATCATT	AGCAGTGTCT	2940
	CCTACTATAG	CTACTTTCTG	AGGATCTACA	TTATATTGCT	CAAATAAAGG	CGATAATACT	3000
	TTAGGATTTG	GCTTCTCATA	GGCATCCGCT	TCGGTAGAAA	TGATCAAATC	GAACAACGAG	3060
50	GTAGCATTGG	TATGTGCTAA	AAATTGTTCT	ACACCTTTTT	TAGTATCACT	CGTAACAATA	3120
	CCAAGTTGAT	AGCCTTTTGC	TTTCAAATCG	ATAAGTGCTT	CTTTAACACC	TTCTACCCAA	3180

55

GTATCTTGTC CCGTCACATC ATTAAATGCC TGGATAATTT GTTGTAAGA TCCTGAACCC 3300  
 ATCACTGATT TTGGATCAAT AGATTCTTTA ATGACACCGA GTTGTCTTAA AGCAGCTTCT 3360  
 5 TTATTATGTA CTGGGAAAGT CTCAAGCAAT GATTGTACAA ATCGTACCCC TATTTTTTCC 3420  
 CAACTTCTAT CAAATTCAAT TAACGTACCA TCTTTATCAA ATAATATCCA TTCCATTGaT 3480  
 10 ATCAATACTC CTATTTATTT ATTTCTGATT ATGCTGATTC TATGATATTC GTTATCCCCT 3540  
 GAAAATGAAC TCGTAGTATT GTTCTATTTA AATATTGaAT TAAATATAAT AATAAGTGAA 3600  
 ATCCCCTTCA ATACTTAACA ATAAACATTG TAAACTTAAT TTATTACCAT GCTTCGCTTC 3660  
 15 ATTGAAAGGG ATTTTAGTCA TGATTAACTT TTGCATATTG TTTTCATGAT TATATTCAAT 3720  
 TTTTATTAAT ATTTTGGTAC AACGACTCTC CAACCATTTT TATCTTCTAA AGTACCATTT 3780  
 TGAATACCAG TATAGACGTC GTATAATTTT TGAGTAATTT CACCAGTCTC ATTATTATTA 3840  
 20 ATAACGATTT CACGATCTTC GTATCTCAAT GTACCCACAG GTGAAATAAC TGCTGCAGTA 3900  
 CCACTACCAA ATACTTCTGT TAACCTCACCT TTATCATATG ATTCGAATAA TTCATCGATT 3960  
 GAAACGCGGC GCTCTTCGAC TTCATATCCT AAGTTTTTAG CTAATTCGAT AATAGATTTA 4020  
 25 CGTGTAATAC CAGGTAAAAT ACTGCCATTC AACTCTGGTG TAATTACTTT GCCATTTTCA 4080  
 ACGAAGAAAA TGTTTCATGCT ACCAACTTCT TCGATATATT TCTGTTCAAC ACCATCAAGC 4140  
 CATAATACTT GGTCAATAAC TAATTTATTT GCATTAGTTT GTGCTAATAA ACTTGcCGCA 4200  
 30 TAGTTACCTG CAACTTTTGC AAAGCCTACA CCGCCACGaA CAGCACGCAC ATATTCATCT 4260  
 TCTACATAGA TTTTAGTTGG TTTTAAAGTT TCACCACCAT AATATGCACC TGAAGGAGAT 4320  
 35 AAAATAATTA ATAATTTATA CTGATGTGAT GCACCAACGC CAAGTGCCCC TTCTGTTGCA 4380  
 AAAACAAATG GACGAATATA TAATGATTGA CCTTCCCCTT CAGGAATCCA ATCTCTTTCA 4440  
 ATATCAACTA ATTGTTTTAG CCCCTCTAAC AATTCTGCTT CGTCTACTTG AGGCATTTCT 4500  
 40 AATCGTGCTA ACGAGTTATT AAGACGCTTA AAATTTTCTT CAGGACGGAA AAGTGCAACT 4560  
 TCCCCATCTC TTTTATATGC TTTTAATCCT TCGAATACCG ATTGACCATA ATGAACACCT 4620  
 TGTGCAGCAG GTGAAATTTT AATAGGACCA TAAGGTACTA TCTTCAAATC ATGCCATCCT 4680  
 45 TTATCTGCAT CATAATCATA ACTCAACATA TAATCAGTAA AATATTTACC AAAACCTAGT 4740  
 TGAGATGTAT TTGGTTTTTG TTTTAATGTT TCTCGTCGTT CAACTTTAAC TGCTTGTGAC 4800  
 ATGGTGATTG CCTCCTAATA ATATTGTATA AGAATTTGTT TAACTTAAAT TATAACAATC 4860  
 50 CaTATTTTGC TGTTCAACAA ATTTTCTAAA AATTCAAAT TAATTAACAG ATTTCTAGAA 4920  
 AGACTATATC TTTTAGTATA AACGTATTAA TTTACAGAG ACAAGTAATC TGTGTTTTAC 4980

55

TAAGTATAAT GAATAATATT AGAATTCATG CACTAGTTTA TTAAAATAAA GAGTAATTTA 5100  
 AAATATCATT CCGTGTATTA AAGTGAATGG AAATGATTAG TTATTATTTT TAACAGTATC 5160  
 5 TTTTGTGTTCA ATAGCTTCTA ACATTAATTT AGTCATGCTC GCTAAATCAT ATTTAGGATC 5220  
 AAATCCCCAT TCGCCACGTG AACAGCTTGT ATCAATAGAA TCCGGCCAAC TATTAGCGAT 5280  
 ACCTTGTCTA ATAGGATCAA CATCGTAATC TAATGTAAAA TTGGGATAGT ATTCTTGAAT 5340  
 10 TGCTTCTTTT ACCATCTCTG GATCAAACT CATTGCGCTC AAATTATAAC CATTTCTAGT 5400  
 TTCTAATTTA GCGTCGTCTG CTTCCATAAG TTTAATAATT GCTTCAATTG CATCATCCAT 5460  
 ATACATCATA TCCATATACG TGCCTTTATC TATGAAGCTT GTATAATGAC CCTCTCTTAC 5520  
 15 TGCTTTGAAG TATATTTCAA CAGCATAGTC TGTAGTACCG CCACCTGGCT CTTTAACATG 5580  
 CGAGATTAAA CCTGGGAATC TAACACTTCT TGTATCTACA CCAAACGTT TGAAATAGTA 5640  
 20 TTGACACAAT AATTCTCCAG CTACTTTATT TACACCATAC ATTGTCGTAG GTTGCTGAAT 5700  
 CGTTACTTGT GCGGTATTAA CTTTAGGAGT TGAGTCTCCA AATGCACCAA TTGAACTTGG 5760  
 TGTGAAAAAG TGCAAATTAT AAGTTCTTGC AGCTTCTAAT GCATTCATTA ATCCACCCAT 5820  
 25 ATTTAAATCC CAAGCTAGAA TTGGATTTT CTCAGCAGTT GCTGATAATA ATGCTGCCAT 5880  
 ATGCATTAGA CTATCCGCTT CAAAGTCCCT AACTAACTCA AACATACGGT CACGATCTGT 5940  
 TACGTCTAAG ATTTCAAATG GTCCATTTTG TACAGGTGAG TCTGCTTCAG GTTCCCTAAT 6000  
 30 ATCTGTAGCA AGAACATTAT CTGTCCCATA AATTTCTCTG CACTTAACAA CTAATTCTGT 6060  
 ACCAATTTGT CCTAATGCAC CAGTAATCAT AATTTTTTTC ATAGAAATAT CTCCTTTGtC 6120  
 TCTTCTATAT AGCTATAGTC CATCACAAGC GGaCATAATA TTCATTTTCA TAATAATTAT 6180  
 35 AATATAAAAG CGCTTTCTTG TATATATGAC ATGTACATGT TGCTGATATk TCTGTAAATG 6240  
 GAAATTCTAG TTGTATTAAT TGATTTTAGT AATTTATAGC GTTTATTATT GCTAATTACT 6300  
 40 GtCAAATTAA ATTTTTTATC CCTCAACTCT TAAACTCTGG ATATCTTTCA TTATATTAGC 6360  
 TTTTTTATAA CCATGGATAT CATGTAAAGC CTTATAAGCh TTAAATAATG TTTCATACCT 6420  
 TTGTACTTnT TCCGCTTCTG GATT 6444

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 234:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4721 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

55

	GCCCATGAGA CAATTTTACT TGCTTTTCCC ATTGGTTATC ACGTTCTTAT TACATAGATT	60
	TAAACCGAGA AATATTATTC AAACGCTATT TATTGTATCG TTGATTTCTT TAGGACTTAT	120
5	GATAGTGATT CATTTCATCA CTGGAGATAA TTCACGTGTG TATTTTGGGA CAGATACACG	180
	ACTGCAAACT TTATTGCTTG GTTGTATATT AGCATTTATT TGGCCTCCGT TTGCTTTGAA	240
	AAAAGATATT TCTAAAAAGA TTGTCGTATC ATTAGATATT ATAGGGATAT CTGGTTTTGC	300
10	GGTTCTAATG ACTTTGTTCT TTATAGTTGG AGACCAAGAT CAATGGATCT ATAATGGAGG	360
	ATTTTACATT ATATCATTG CAACCTTATT CATTATTGCA ATTGCGGTAC ATCCTTCTAG	420
	TTTATTTGCT AAATTTTTAA GTATGAAACC TTTACTAATT ATAGGTAAAC GATCATATAG	480
15	CTTATACTTA TGGCATTATC CTATCATTGT TTTTGTGAAC AGTTATTACG TACAAGGACA	540
	AATACCGGTA TACGTTTATA TTATAGAAAT TTTGTTAACA GCGTTAATGG CTGAAATTTTC	600
20	GTATCGCTTT ATTGAAACAC CTATACGTAA AAAAGGATTT AAAGCTTTTG CATTTTTACC	660
	TAAAAAGAAG GGGCAATTTG CTAGAACAGT GTTAGTTATC CTATTATTGG TTCCGTCTAT	720
	CGTTGTGCTC AGTGGACAGT TTGATGCACT TGGCAAACAA CATGAAGCCG AGAAGAAAGA	780
25	GAAGAAGACG GAATTTAAAA CAACGAAGAA AAAAGTCGTT AAAAAAGATA AGCAAGAGGA	840
	TAAGCAGACA GCGAATAGCA AAGAGGATAT TAAAAAGTCA TCACCACTAT TAATTGGTGA	900
	CTCGGTCATG GTGGATATTG GTAATGTCCT TACTAAGAAA ATACCAAATG CACAAATTGA	960
30	TGGTAAAGTT GGACGGCAAC TCGTTGATGC TACACCAATT GTGAAATCGC AATATAAAGA	1020
	CTATGCTAAA AAAGGTCAAA AAGTTGTAGT AGAGCTTGGT ACAAATGGGG CATTTACGAA	1080
	AGATCAATTA AATGAACTAT TGGATAGTTT TGGAAAAGCA GACATATATT TAGTTTCTAT	1140
35	TAGAGTACCT AGAGATTATG AAGGTAGAAT AAATAAATTA ATTTATGAGG CAGCTGAAAA	1200
	GCGCTCTAAT GTACATCTAG TCGATTGGTA TAAAGCTTCT GCAGGTCATC CGGAATACTT	1260
40	TGCATATGAC GGTATTCACT TAGAATATGC AGGTAGTAAA GCGCTGACTG ATTTGATTGT	1320
	AAAAACGATG GAAACACATG CTACAAATAA GAAATAATTT GATGCACTAA ACTTTTGAAA	1380
	TATTACATTA CTTCTGATAT TTATTATCAA AAATGATGTA TTTCAITAAA AGTTTAGTGC	1440
45	TTTTTTATTT TCAAATCCCA TAGTAACGGT GCAGAAAAAG TGTTGTAAAC ATTCTAATTG	1500
	GTATATTACA TTCAATGAAG CTTTATTAGG AACAGATTAC ATTATGATAA CAAAGCCCGC	1560
	AAGACACCTA ATCTCTGTTA TAGTTTGTTT TGTCGCAAAA CTATAAAAGT TATAATTGTT	1620
50	TGCATACTAA AAAAATAAAA AATATAAAAT TTAAAATAAT TGAGTCGCTA ATGACTATAT	1680
	GTATAGAGTG TTTTGATTAT TGGGAGGATA TTTAATTATG AAAAAAATCG TTACAGCTAC	1740

55

	ACAAAATAAC AATGGATATA ATTCTAATGA CGCTCAATCA TACAGCTATA CGTATACAAT	1860
	TGATGCACAA GGTAAATTATC ATTACACTTG GACAGGAAAT TGAATCCAA GTCAATTAAC	1920
5	GCAAAACAAC ACATACTACT ACAACAATA CAATACTTAT AGTTATAACA ATGCATCTTA	1980
	CAATAACTAC TATAATCATT CATATCAATA CAATAACTAT ACAAACAATA GTCAAACAGC	2040
	AACAAATAAC TATTATACTG GTGGTTCAGG TGCAAGTTAT AGCACAACAA GTAATAATGT	2100
10	TCATGTGACT ACAACTGCAG CGCCATCTTC AAATGGTCGT TCAATTTCTA ATGGTTATGC	2160
	ATCAGGAAGT AACTTATATA CTTCAGGACA ATGTACTTAT TATGTATTG ATCGTGTGG	2220
	TGGGAAAATT GGTTCACAT GGGGTAACGC AAGTAATTGG GctAACGCAG CTGCATCATC	2280
15	TGGCTATACA GTGAACAATA CACCAAAAGT TGGTGCTATC ATGCAAACAA CACAAGGCTA	2340
	TTACGGTCAT GTTGCTTACG TTGAAGGCGT TAACAGCAAC GGTTCTGTTC GTGTTTCAGA	2400
20	AATGAACTAT GGACATGGTG CTGGTGTGGT TACGTCTCGT ACAATTTTCAG CAAACCAAGC	2460
	AGGTTTCATAT AATTTTCATTC ATTAATCAAA TGTAATCAA ATGACGTCAA TATTCTCTAA	2520
	CATGAGAGTA TTGGCGTTTT TGTTTTATAT AAATATAAAT GAGAGCGGTT TATTCACTGA	2580
25	TCTTTAGGGA ACTAAGTAAT AAAGTGATAA TTTATACTAT GTCAGTATGA TTGAGAGTGA	2640
	TTCAATTTAG ATGAAAACCA TGAAAAAATA TATTAAAACA GCATTTTTTT GTAGTATGTA	2700
	TTGGTTAATT GTTCAACTAA ATATAGCAAA TTTAGGTACA AGAATTCCTG ATAAGTATTT	2760
30	TCGTCAGAAG TACATAATAT TTAAATCATT TAACTTTGAG AAGCATGGAA AATTTTGGAA	2820
	CAAATGGTTT TACGTAAGAA AATGGAAACA TAAGATTTTA GATGGTCATC AGCTTAATCA	2880
	AAATATATAT GATCAGCGTC ATTTAATGAC AATCAATACT GATGAAATTG AAAAAATGAT	2940
35	TATAGAGACA AAGAGGGCAG AGTTGATTCA TTGGATATCG ATACTTCCAG TCATCATATT	3000
	CAATAAAGGC CCTCGTTTAG TAAAGTATAT AAATATTTTC TATGCAATGA TAGCTAATGT	3060
40	TCCAATCATT ATTGTGCAAC GCTATAATCG ACCGAGATTA ACGCAGTTAC TACGCATATT	3120
	AAAACGAAGA GGTGAACGTC ATGACTAAAC ATATCATCGT TATTGGTGGT GGCTTAGGTG	3180
	GGATTTCTGC AGCAATTCGA ATGGCACAAA GTGGCTATTC GGTCTCATTA TATGAACAAA	3240
45	ATAATCATAT AGGAGGCAAA GTGAATCGTC ATGAATCAGA TGGCTTTGGC TTTGATTTAG	3300
	GTCCATCTAT TTTAACGATG CCTTATATTT TTGAAAAATT ATTGGAATAT AGCAAGAAGC	3360
	AAATGTCAGA CTACGTTACA ATCAAGCGAT TGCCACATCA ATGGCGTAgC TTTTTTCCAG	3420
50	ATGGAACGAC TATCGATTTG TATGAAGGTA TTAAAGAAAC AGGTCAGCAT AATGCGATAT	3480
	TGTCGAAACA GGATATAGAG GAACTGCAAA ATTATTTGAA TTATACAAGA CGAATCGATC	3540

55

5 TTCATGGGCC ATTAAATGCT CTTATTAATT ATGATTATGT ACATACTATG CAACAGGCCA 3660  
 TAGACAAGCG TATCTCGAAT CCATACTTGC GACAAATGTT AGGCTATTTT ATCAAATATG 3720  
 5 TAGGTTCTTC ATCATACGAT GCGCCAgCTG TATTATCTAT GTTATTCCAT ATGCAACAAG 3780  
 AGCAAGGCCT TTGGTATGTA GAAGGTGGAA TCCATCATTT AGCCAATGCC TTGGAAAAGc 3840  
 tAGCGCGTGA AGAAGGTGTC ACAATTCATA CAGGTGCACG TGTGGACAAT ATTAAAACAT 3900  
 10 ATCAAAGACG TGTGACGGGT GTCAGATTAG ATACAGGTGA GTTTGTAAAG GCAGATTATA 3960  
 TTATTTCAAA TATGGAAGTC ATACCTACTT ATAAATATTT AATTCACCTT GATACTCAAC 4020  
 GATTAAACAA ATTAGAGAGG GAATTTGAGC CGGCAAGCTC AGGATATGTG ATGCATTTAG 4080  
 15 GTGTTGCTTG CCAATACCCG CAATTAGCAC ATCATAATTT CTTTTTTACG GAAAATGCTT 4140  
 ATCTCAATTA TcAACAAAGTT TTTCATGAAA AGGTATTGCC AGATGATCCG ACCATTTATC 4200  
 20 TAGTAAATAC GAATAAAACT GATCACACAC AAGCGCCAGT AGGTTATGAA AATATCAAAG 4260  
 TCTTACCACA TATTCCATAT ATTCAAGATC AGCCTTTTAC CACTGAAGAT TATGCGAAGT 4320  
 TTAGGGATAA AATTTTGGAT AAATTAGAAA AAATGGGACT TACTGATTTA AGAAAACACA 4380  
 25 TTATTTATGA AGATGTTTGG ACACCGGAGg ATATTGAAAA AAATTATCGT TCTAATCGTG 4440  
 GTGCAATATA TGGTGTGTGA GCAGATAAAA AGAAAAACAA AGGATTTAAA TTTCTTAAAG 4500  
 AAAGTCAGTA TTTTGAAAAC TTGTACTTTG TAGGTGGATC AGTAAATCCT GGTGGTGGCA 4560  
 30 TGCCAATGGT TACATTAAGT GGGCAACAAG TCGCAGcAag ATAAACGCGC GAGAAGCGAA 4620  
 GAATAGGAAG TGATATCTAT GAAATGGTTA TCACGAATAT TAACAGTAAT AGTGACCATG 4680  
 TCTATGGCGT GTGGTGCaTT GATATTTaAT CgTAGACATC A 4721

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 235:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3516 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 235:

45 TATTCGTGCG CAATGGGCTA AATTAGGTCT AGGTTTAGAT TATAGTAGAG AACGTTTTAC 60  
 TTTAGATGAA GGTTTAAGTA AAGCAGTTAA AAAAGTTTTT GTTGATTAT ACAATAAAGG 120  
 50 AATTATTTAT CGTGGCGAAC GTATTATAAA TtGGGATCCn AAAGCACGTA CAGCTTTATC 180  
 TGaTATTGAA GTAATACATG AAGATGTTCA AGGTGCGTTT TATCATTTTA AATATCCTTA 240

	TACAGCGATT GTTGTTAACC CTAATGACGA ACGATACAAA GATGTAATCG GTAAAACTGT	360
	TATATTACCA ATCGTAGGAC GCGAACTGCC TATTTTAGCA GATGAGTATG TTGATATAGA	420
5	CTTCGGTTCT GGTGCTATGA AAGTGACACC AGCACATGAC CCTAATGATT TTGAAATTGG	480
	TCAAAGACAT CAATTAGAAA ATATTATCGT TATGGATGAA AATGGTAAAA TGAACGACAA	540
	AGCGGGTAAA TATGAAGGTA TGGACCGTTT TGATTGTCGT AAACAGCTAG TTAAAGATTT	600
10	AAAAGAACAA GATTTAGTTA TCAAGATTGA AGATCATGTT CATTCTGTAG GTCATTGAGA	660
	ACGATCTGGC GCTGTTGTTG AACCATATTT ATCAACACAA TGGTTTGTGC GCATGGAAGA	720
	CTTAGCGAAA CGTTCATTAG ATAACCAAAA AACAGATGAT CGTATTGATT TTTATCCGCA	780
15	ACGTTTCGAA CATACATTTA ACCAATGGAT GGAAAATATT AGAGATTGGA CGATTTCAAG	840
	ACAATTATGG TGGGGTCATC AAATTCGGC TTGGTATCAT AAAGAAACAG GCGAAATATA	900
20	TGTTGGAGAA GAAGCGCCAA CTGATATTGA AAATTGGCAA CAAGATGAAG ATGTATTAGA	960
	TACGTGGTTC TCaAGTGCTT TATGGCctTT CTCyACGTTA GGTGGCCTG ATTTAGAAAAG	1020
	TGAAGACTTT AAACGATACT ACCCAACAAA TGCCTTAGTT ACAGGTTACG ATATTATCTT	1080
25	TTTCTGGGTA GCACGCATGA TATTCCAAGG CTTAGAATTT ACAGATCGTC GTCCATTTAA	1140
	TGATGTATTA TTACACGGTT TAGTTCGTGC TGAAGACGGG CGTAAGATGA GTAAATCATT	1200
	AGGTAATGGT GTGGATCCAA TGGATGTTAT TGACGAATAC GGTGCTGATA GCTTGCCTTA	1260
30	CTTCTTAGCA ACAGGTTTCAT CTCCAGGACA TGATTTAAGA TACTCAACTG AAAAAGTTGA	1320
	GTCAGTGTGG AACTTTATCA ATAAAATCTG GAATGGGGCA CGTTTCAGTT TAATGAATAT	1380
	CGGTGAAGAC TTTAAAGTTG AAGATATCGA TTTAAGTGGT AACTTATCAT TAGCAGATAA	1440
35	ATGGATTCTA ACACGTTTAA ATGAAACGAT TGCAACAGTT ACTGATTTAA GTGACAAATA	1500
	TGAATTCGGC GAAGTTGGAC GTGCATTATA TAATTTCAAT TGGGATGATT TCTGTGATTG	1560
40	GTACATTGAA ATGAGTAAAA TTCCAATGAA TAGTAATGAT GAAGAACAAA AACAAGTTAC	1620
	ACGTTTCAGTA TTGAGTTATA CTTTAGACAA TATTATGAGA ATGCTACATC CATTGATGCC	1680
	ATTTGTAACA GAGAAAATAT GGCAAAGTTT ACCACATGAA GGTGACACAA TTGTTAAAGC	1740
45	TTCATGGCCA GAAGTGCCTG AATCATTGAT TTTTGAAGAA AGTAAACAAA CAATGCAACA	1800
	ACTTGTGAA ATCATTAAAT CTGTAAGACA ATCACGTGTA GAAGTAAATA CGCCATTGTC	1860
	TAAAGAAATA CCTATTTTAA TTCAAGCTAA AGATAAAGAA ATTGAAACAA CTTTATCACA	1920
50	AAACAAAGAT TATTTAATCA AATTCTGTAA TCCTAGTACC TTAAATATTA gCtGACGTGG	1980
	AAAwTCCTGA GAAAGCAATG ACaTCAGTTG TAATTGCAGG TAAAGTGGA TTACCATTAG	2040

55

AAAGCGAATT AGATAGAGTA GATAAAAAGC TCTCTAATGA AAACTTTGTA AGTAAAGCAC 2160  
 CTGAAAAGGT TATAAATGAA GAAAAACGTA AAAACAAGA TTATCAAGAA AAATATGATG 2220  
 5 GTGTGAAGGC AAGAATTGAA CAATTAAAAG CATAGGAGTT AGTAACAATG AATTACCTAG 2280  
 AGAGCTTGTA TTGGATACAC GAAAGAACTA AATTTGGCAT CAAACCAGGT GTTAAACGTA 2340  
 10 TGGAAATGGAT GCTAGCACAA TTTAATAATC CTCAAATAA CATTAAGGGT ATTCATGTAG 2400  
 GTGGCACAAA TGGTAAAGGC TCTACAGTTG CTTACCTTAG AACAGCTTTA GTTGAAAATG 2460  
 GTTATGAAGT AGGTACATTT ACGTCGCCGT TTATTGAAAC ATTTAATGAA CGAATTAGTC 2520  
 15 TAAATGGTGT GCCAATATCA AATGACGCTA TTGTAGAATT AGTATCACGT ATTAAACCAG 2580  
 TAAGTGAAAT GATGGAACGT GAAACAGATT TAGGTGTTGC AACTGAATTC GAAATAATCA 2640  
 CAGCGATGAT GTTTTTATAT TTTGGTGAAA TACATCCTGT TGATTTTGTC ATTGTTGAGG 2700  
 20 CTGGATTGGG TATAAAGAAC GATTCGACAA ATGTCTTTAC ACCGGTTTTA TCAATCTTAA 2760  
 CTAGTATCGG TCTAGACCAT ACAGATATTT TAGGTGGTAC TTATCTAGAT ATTGCTAGGG 2820  
 ATAAAGGCGC GATTATAAAG CCTAACGTTT CAGTGATATA TGCTGTTAAA AATGAAGATG 2880  
 25 CATTAAAATA TGTTCTGTA CGCGCAATTG AACACATGC AAAGCCAATT GAATTAGATA 2940  
 GAGAAATTGT TGTTGTATCG CAAAATGATG AATTTACTTA CCGTTATAAA GATTATGAAT 3000  
 TAGAAACAAT CATTTTAAGC ATGTTAGGTG AACATCAGAA ACAAATGCT GCATTAGCCA 3060  
 30 TAACAGCTCT TATTGAATTA AATGAACAAG GATTAATTGA ATTAGATTTC AATAAGATGA 3120  
 TAGACGGTAT TGAATCAGTT CGTTGGACTG GACGTATTGA GCAGGTGCAT GACAAACCTT 3180  
 TAATCATTTT GGATGGCGCA CATAATTCAG AGAGTATAGA TGCTCTAATT GATACAATTA 3240  
 35 AACAGTACCA TGATAAAGAA AAAGTAGATA TTTTGTCTC AGCAATAAAC GGAAAACCGA 3300  
 TTAACGAGAT GGTCAAACAT TTAAGTTTAA TTGCGCATAC GTTTTATGCA ACTGAATTTG 3360  
 40 ATTTTCCGAA AGCGTTACGC AAAGAAGAAA TTGTAGGTAG TATTGAAAAT GATGAAATAC 3420  
 AATTAGTAGA TGACTACGTT GAATTTATAA AAAATTATCA AGGTGATACA TTAGTAATTA 3480  
 CCGGTAGTCT GTATTTTATA AGTGAAGTTA AATCAA 3516

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 236:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 7481 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 50 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

	TGAGTGATAG	AATCAAAAAA	GCCATCTCAA	AAATTAATCA	AGCAAACAAC	ATTCCAAACA	60
	ATGsTCGCAA	ATCACCAATG	TATCACTCTC	CAATTACGTA	ACTATGATTT	AATTTAAGCA	120
5	TAGTTATTGA	GGTTTTGTGA	TATATAGTAT	AAAATTAATG	AGAATTAAAT	TTAATAATGT	180
	AAAATTCATm	TTCgGGGTCG	GGTGTAATTC	CCAACCGGCA	GTAAATAAAG	CCTGCGACCT	240
	GCTAGTATGT	ATCATATTAG	TGGCTGATCT	AGTGAGATTC	TAGAGCCGAC	AGTATAGTCT	300
10	GGATGGGAGA	AGATGGAGGT	TTTTTGTTGT	GCAATAATCC	TCCTATTCTT	ACGAGATGAA	360
	TGGAAGGAGA	AAATTGAATA	TGCAACAAAA	TAAACGTCTT	ATCACAATAA	GTATGTTGAG	420
	CGCGATTGCG	TTTGTTGTAA	CTTTTATCAA	GTTTCCTATA	CCATTTTTGC	CACCATACTT	480
15	AACTTTAGAT	TTTAGTGATG	TACCGTCACT	ACTAGCTACA	TTTACGTTTG	GACCAGTTGC	540
	CGGTATCGTA	GTTGCACTGG	TTAAAAATTT	ATTGAACTAC	TTATTTAGTA	TGGGCGATCC	600
20	AGTTGGACCA	TTTGCTAACT	TTTTAGCAGG	CGCAAGTTTC	TTATTAAGTG	CTTACGCCAT	660
	CTATAAAAAT	AAACGTTCAA	CAAAATCTTT	GATTACTGGA	TTAATCATTG	CAACAATCGT	720
	TATGACTATC	GTGTTGAGTA	TTTTGAACTA	TTTCGTTCTA	TTACCTTTGT	ACGGTATGAT	780
25	ATTTAACTTA	GCTGATATCG	CAAATAATCT	TAAAGTAATC	ATTGTTTCAG	GAATTATACC	840
	ATTCAATATT	ATTAAAGGTA	TCGTTATTTT	TATTGTATTT	ATTTTACTAT	ATAGAAGGCT	900
	TGCGAATTTT	TTGAAAAGAA	TTTAATCAAA	TTAAAGCAAA	ATAATATACA	CATAATAATA	960
30	AAAAGCAGGT	GACTATCAAT	AAACGATAGC	TGCGCTGCTT	TTTCTATAGA	ACATTTGTCT	1020
	AAAAAATCAA	TTATTCaAAT	TTTAAAGCGT	CCCCATCAAA	TGATTCGTCT	GCAATTTTAA	1080
35	TAGAATCTGt	AGGGCATCCa	TCAATTGCAT	CTTCCATATC	TTCATATAAT	TCctCAGGTA	1140
	CTTCTGCAGT	ACCTTGGTTA	TCGTCAAGGA	TTACGAAAGC	AATACCTTCG	TCGTGTAAT	1200
	CATATATATC	TGGCGCTGCT	GCACCGcATG	CACCACATGC	AATACAAGTA	TCCATATCAA	1260
40	CGATTGTATA	TTTtGCCAAT	GTCTTCGCCT	CCTTTGATAA	AAATGCTAAA	ATAGTAATGT	1320
	GACTAAAATT	TTAGACAGCA	TCATTTTTTAT	TTTCAAATTA	TCCGTTTTTAC	AGAGTGAGGG	1380
	TTAAATTTGC	AACACATTAT	AAAAACAGCA	TTACAACAAA	CATTTAACTA	TAAAACAAAT	1440
45	AAAAGTATTT	ACAATATCTT	AGTTGGTAAG	AAATCTCACC	AAACCTTTTT	TGACGCTTGT	1500
	AGTCAACAAC	AGTTGTCATT	ATATCACAGT	TTACCACTAT	TAAAATATCC	GTCTTTTGAG	1560
	CTATTTtTAG	AAAAAATCAA	TGAATTTAAT	GCTGAAATGG	AAATCATGTT	GCATCCTAGA	1620
50	TATACATTTG	aAAGCATGGG	GCAAACATTT	CAAGCAATTC	AACTATTAGT	GCAAaCCATG	1680
	TCTAATACCA	AACAACATGT	TTTTCATTTT	GTACCAATCT	CTCAAAATAA	TAAGATACAm	1740
55							

	AATGAACTAC ATAACCTGTT TAAAGCAATA ACTTTAAAAG GGCCATGTTA CTTACATTAT	1860
	TATTTGCAAG GCTATGATGA ACCAATGTAT ACGAGACAGC AAGTTAGTTT AATAGAAAAG	1920
5	CTATCTCAAC AGCAATTGTT TGAATACGAA ATGAATAATT TAGTGACAAT GATGTTTGAA	1980
	TTAGAAAGTG GAGAATATAC TATTTTATCA AAAATAATAA TGAAACCTAC ATTATTAAAT	2040
10	CAAACCTATA TTAACCTATAC AAAATTGCTT GAACAATTCA CGATGGAAGA TATAGCGGCT	2100
	CAACAACAAG TTAAATCAA TACTATCGAA GATCATGTAC TTGAAATCTT AATCAAAGGT	2160
	TACATGTCTA ATTACGATGA TTATGTTGAA CTAGAAGATC AACTCCAGTT TTTGAATTTT	2220
15	TATCAACAGC ATCGTGGCGA ACGATTAAAA TTTTACAAAG AACAAATTTGA CACGTTATCA	2280
	TATTTTCAAT TAAAAGTATT AATCGTTGGA TTTGAAAGAG GTGATCTGAA TGTTCATGA	2340
	TATTTTACGA AACAAATTTG GATTCGAGAG TTTTAAACCG GGACAACAGG AAATTATAGA	2400
20	AAGTATAATG TCTCAACAAC AACTCTAGG TATACTTCCA ACTGGAAGTG GAAAGAGTTT	2460
	GTGTTATCAA ATACCTACGT ATTTATCAGG TAAGCCGACA TTAATTATCT CACCGTTAAT	2520
	ATCTTTAATG GATGACCAAG TTATGCAGTT GAAAATAAAT GGAGAAAAAC GTGTAACATG	2580
25	TATTCACCTCT GGTATGGATG AAATTGAGAA AAAGCATAAT ATTAAATGTT TACGACATAG	2640
	CCGCTTCATC TTTCTAAGTC CAGAATTTCT CCTGCAACCG TCAAATTTTA AATTAATATC	2700
	TATGATAGAC TTTGGCATGA TTGTTCTAGA TGAAGCACAT TGCCTATCTG AATGGGGATA	2760
30	TGATTTTACA CCACATTATG CTCTAATAGG AAAAGTAACA AAGCATTTTA AAGAAGCGGT	2820
	TGTCTTAGCA TTGACAGCAA CTGCACCACC GCATTTACAA GATGATTTGA CGGAAATGTT	2880
35	AGCGATTCAA TTCAATGTTA TTAAACTAC AATGAATCGC CCAAATATAA GCTTTAAGCA	2940
	TCTTAATTTT CATGATGATG AAGATAAAAT TGAATGGTTG CTGCCGTTTC TACAACAGTC	3000
	GGGAGCAACG ATTATTTATG TCTCATCGAA AAAGATGTGT CTGAATTTAG CGCAACTTAT	3060
40	TTATGATTCA GGTTTTCTTA CAGGTATTTA TCATGGTGAT ATGAATTATC AAGAGCGACA	3120
	CACAGTTCAA CAACAATTTT TAAATAATGA TATTCCGATT ATAGTCGCAA CGAGTGCTTT	3180
	TGGTATGGGA ATTAATAAAA AAGATATTCG CACAATCATT CACTTTCATC TTTCAACAAG	3240
45	TCCTTCTAAC TACATTCAAG AAATTGGCCG TGCGGGTCGC GATGGTGAAC TAAGTCAGGC	3300
	AATTAGTTTA TTCCAACCGG ACGATAAATA TATTTTAGAA ACGTTATTAT TTGCAGATAT	3360
	GATAACAGAA GAAGATGTAC AAAATTTTGA AATAGGAGAA TTTTAGCTC CCGATAAACA	3420
50	AGCCGTTTTG ACAACGTTGc AATCATTCTA TAGTATCGGC GCCTTGaAAC AGATATTTAA	3480
	GCAATCATTT AAACGAAAGC AATTAGGATT CTTTCGCATG ATTGGCTATT GCAAATTGGA	3540

55

	ATGTTGTGAC	AATGATTCTA	ATATAACTGA	TATCGCAATT	TTAAATAAGA	AGAAGGTAAT	3660
	TAGAAGTATT	GGATTTGATG	AAAAGTTGCA	AAATTTATTT	CTCAGATAGT	ATTACTTTAC	3720
5	TAAAAGAAAA	TTGACAAGCT	ATAATTAGTG	TATACACAAT	TGAAAAATGA	TTGAAATAAT	3780
	TTTGAAAAAT	ATACATAAAC	ATATGTCATG	TGGGTATATT	TTATGTAAAA	TCATTGTAAT	3840
10	AGAATAGAAA	GGAAGATGGC	TATGTCTAAT	AATTTTAAAG	ATGACTTTGA	AAAAAATCGT	3900
	CAATCGATAG	ACACAAATTC	ACATCAAGAC	CATACGGAAG	ATGTTGAAAA	AGACCAATCA	3960
	GAATTAGAAC	ATCAGGATAC	AATAGAGAAT	ACGGAGCAAC	AGTTTCCGCC	AAGAAATGCC	4020
15	CAAAGAAGAA	AAAGACGCCG	TGATTTAGCA	ACGAATCATA	ATAAACAAAGT	TCACAATGAA	4080
	TCACAAACAT	CTGAAGACAA	TGTTCAAAAT	GAGGCTGGCA	CAATAGATGA	TCGTCAAGTC	4140
	GAATCATCAC	ACAGTACTGA	AaGTCAAGAA	CCTAGCCATC	AAGACAGTAC	ACCTCAACAT	4200
20	GAAGAGGAAT	ATTATAATAA	GAATGCTTTT	GCAATGGATA	AATCACATCC	AGAACCAATC	4260
	GAAGACAATG	ATAAACACGA	TACTATTAAA	AATGCAGAAA	ATAAACTGA	GCATTCAACA	4320
	GTTTCTGATA	AGAGTGAAGC	TGAACAATCT	CAGCAACCTA	AACCATATTT	TACAACAGGT	4380
25	GCTAACCAAT	CAGAAACATC	AAAAAATGAA	CATGATAATG	ATTCTGTAAA	ACAAGATCAA	4440
	GATGAACCTA	AAGAACATCA	TAATGGTAAA	AAAGCAGCAG	CTATTGGTGC	TGGAACAGCA	4500
30	GGTGTTCAG	GTGCAGCTGG	TGCAATGGCT	GCTTCTAAAG	CTAAGAAACA	TTCAAATGAC	4560
	GCTCAAAACA	AAAGTAATTC	TGGCAAGGCG	AATAACTCGA	CTGAGGATAA	AGCGTCTCAA	4620
	GATAAGTCTA	AAGATCATCA	TAATGGCAAA	AAAGGTGCAG	CGATCGGTGC	TGGAACAGCA	4680
35	GGTTTGGCTG	GAGGCGCagC	AAGTAAAAGT	GCTTCTGCCG	CTTCAAAACC	ACATGCCTCT	4740
	AATAATGCAA	GCCAAAACCA	TGATGAACAT	GACAATCATG	ACAGAGATAA	AGAACGTAAA	4800
	AAAGTGGCA	TGGCCAAAGT	ATTGTTACCA	TTAATTGCAG	CTGTACTAAT	TATCGGTGCA	4860
40	TTAGCGATAT	TTGGAGGCAT	GGCATTAAAC	AATCATAATA	ATGGTACAAA	AGAAAATAAA	4920
	ATCGCGAATA	CAAATAAAAA	TAATGCTGAT	GAAAGTAAAG	ACAAAAGACAC	ATCTAAAGAC	4980
	GCTTCTAAAG	ATAAATCAAA	ATCTACAGAC	AGTGATAAAT	CAAAAGAGGA	TCAAGACAAA	5040
45	GCGACTAAAG	ATGAATCTGA	TAATGATCAA	AACAACGCTA	ATCAAGCGAA	CAATCAAGCA	5100
	CAAAATAATC	AAAATCAACA	ACAAGCTAAT	CAAAATCAAC	AACAGCAACA	ACAACGTCAA	5160
50	GGTGGTGGCC	AAAGACATAC	AGTGAATGGT	CAAGAAAAC	TATACCGTAT	CGCAATTCAA	5220
	TACTACGGTT	CAGGTTCAAC	GGAAAATGTT	GAAAAATTA	GACGTGCCAA	TGGTTTAAGT	5280
55	GGTAAACAATA	TTAGAAACGG	TCAACAAATC	GTTATTCCAT	AATATAACTA	TATAAATTGT	5340

	TAAATTGCGC TTATAAGTAT GTAGCGGTTT TTTTATTTTT CAAAGTTTGT TATTTAACAA	5460
	GGTCTTGTCT CGAATATTGG CATATCAATT TAACTTTTTA AATAGTCATC AAAAAGATAA	5520
5	AACACCACAA TCAACAAATT TAACGAGGAA GAATAAAAAA TAAATCAACA TATTAAATTG	5580
	TAGTGTATT CAACTCCGTA GCTAACAAATT CTCTATTAC ATTAACAACA TTGTCAAAAA	5640
	TATATCATAA ATCTTCAAGC ACAGACTTAG CGCATCAATC ACTGAACTGT TATAATAGTT	5700
10	TGGGATTAAA GGAGGCCGAA ACAATGCAAA AAGTTGAAAG TATCATAATT GGTGGAGGGC	5760
	CATGCGGATT AAGTGCGGCT ATTGAACAAA AAAGAAAAGG TATTGATACC TTAATTATTG	5820
	AAAAGGGTAA TGTCGTTGAA TCAATCTACA ATTATCCTAC TCACCAAACA TTTTCTCAT	5880
15	CAAGTGATAA ATTAAGTATT GGGcGagTAC CGTTTATCGT TGAAGAAAGT AAACCAAGAC	5940
	GTAATCAAGC GCTAGTTTAT TACCGAGAAG TTGTAAAACA TCATCAATTA AAAGTAAATG	6000
20	CATTTGAAGA AGTATTAACT GTTAAAAAAA TGAATAATAA ATTTACTATT ACTACGACGA	6060
	AAGATGTTTA TGAATGTCGA TTTTAAACAA TCGCGACAGG CTATTATGGT CAGCATAATA	6120
	CATTAGAAGT TGAAGGTGCG GATTTACCTA AAGTGTCCA TTATTTTAAA GAGGCACATC	6180
25	CGTATTTTGA TCAAGATGTT GTAATTATCG GTGGTAAGAA TTCGGCTATC GATGCTGCTT	6240
	TGGAGTTGGA AAAAGCTGGT GCTAACGTGA CGGTTCTATA TCGTGGTGGG GATTATTCGC	6300
	CTTCAATTAA ACCGTGGATA CTTCCAAATT TCACAGCATT AGTAAATCAT GAAAAAATTG	6360
30	ACATGGAATT TAATGCTAAT GTTACCCAAA TAACTGAAGA TACTGTGACT TATGAAGTAA	6420
	ATGGTGAAAG TAAAACGATA CACAATGATT ATGTATTTGC GATGATTGGT TATCATCCCG	6480
	ATTATGAATT TTTAAATCT GTAGGCATTC AAATTAATAC AAATGAATTT GGAACAGCGC	6540
35	CTATGTATAA TAAAGAAACA TACGAAACAA ATATCGAAAA TTGCTATATT GCAGGTGTAA	6600
	TTGCTGCAGG GAACGATGCG AATACCATTT TTAFTGAAAA TGGTAAATTC CACGGGGGCA	6660
40	TTATTGCTCA AAGCATGCTA GCTAAGAAAC AAACGCCCTT AGAATCATAA AAATAAAGGT	6720
	CTATGTACTA AATAACTTAG TTTTACAACG ACTGACATTC ATGATATGTC AAATGAGGTT	6780
	GATGACTATT GATTGTACAT AGACCTTTTT ATGTTACGTA TTCATTATAA TTCAAAATAT	6840
45	GATTTGATTT CAGCTTTATC TAAATTGTTG CTTAACGCGA CTAATAATTT TAATCTTGCT	6900
	TTTGGACCAT TCAAGCCGTT AGAAAAAATA AAACCTTGTT GTGCGAGTTG GTAACCACCA	6960
	CCATCGTATG CGTAAGTTGG ACTCACAATA CCATTAAAGG AACGTGAAAC TAGCACAATA	7020
50	GGTATATTTA AAGATACTAA TTGTTGAATG CTTTCTAATG CGCTTGGAGG TATGTTGCTT	7080
	TGTCCTAACG CTTCAATAAC CATACCATCG ATACCTTCTC GACTATAAAA ACTAAAAATG	7140

55

TCCAATGCTT GTTGGCGATA TGGCATATGA TGGAATTGCA CACGATCCTT TGTCAATACA 7260  
 CCTAGCGGAC CATGATTTGG ACTTTGAAAT GTGTTTGTAT TAGACGTATG TGTTTTGGTA 7320  
 5 ACATTACGCG CCGTATGAAT TTCATCATT AaTACAACCA TCACGCCTTT ATGACGGGCC 7380  
 TTTTCATCAG AGGCAACGCG AATAGCGGAA ATATAATTAT ATAATCCGTC AGAACCAATT 7440  
 TCATTAGACG AGCGCATTGG CCAAGAAaTA ACAACAGGTT G 7481

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 237:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6346 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 237:

ATGAATTATA CCTTCCACTA GAAGTGTCGG TATTTATGTG CCTGGTGGTA AAGCAAGTTA 60  
 TCCTTCAACG GTATTAATGA CAGCGACGTT AGCACAAGTA GCAGGTGTGG AAAATATTGT 120  
 25 CGTTGTGACA CCACCTCAAC CTAATGGTGT GTCTCAAGAA GTATTAGCAG CATGCTATAT 180  
 TACGCAAGTT GATCAAGTAT TTCAAGTTGG TGGTGCTCAA AGTATTGCTG CGTTAACTTA 240  
 TGGCACAGAA ACGATACCTA AAGTTGATAA GATTGTAGGT CCAGGCAATC AATTTGTTGC 300  
 30 ATATGCCAAG AAATATTTAT TTGGACAAGT AGGTATTGAC CAAATAGCTG GACCAACAGA 360  
 AATAGCACTT ATTATTGATG AAACAGCAGA TTTAGATGCC ATCGTATATG ATGTTTTTGC 420  
 ACAAGCAGAA CATGATGAAT TAGCACGTAC ATATGCCATT AGTGAAGATG CGCAAGTCCT 480  
 35 TAAAGATTTA GAATCACGTA TTGCTAAAGC ATTGCCTAAT GTGGACAGAT ACGACATTGT 540  
 TTCTAAAAGT ATCGCTAATC AACACTACCT TATCCATGCT AGTAATTTTG ATGAAGCATG 600  
 CCATGTCATG AATACAATCG CGCCTGAACA TCGTCGATT CAAACAGTAA ATCCTCAACC 660  
 40 ATATATTGAA AAAGTGAAAT ATGTGGGTGC ATTGTTTATT GGACATTATT CGCCAGAGGT 720  
 CATAGGAGAT TACGTTGCAG GTCCAAGTCA TGTATTACCT ACAAATAGAA CAGCTAGATT 780  
 TACCAATGGG TTATCGGTCA ATGATTTCTT AACACGGAAC ACGGTCATCC ATTTATCAAA 840  
 AGATACGTTT GAACAAATTG CTGATTCAGC ACAACATATT GTCATGTTG AAGCATTATA 900  
 CAATCACCAG CAGTCTATTT TAATACGTCA GTCTTAGGGG AGTGTAATTG AAATGATTTA 960  
 50 TATTGATAAA AATGAAAGTC CAGTTACGCC GTTGGATGAA AAAACAATGA CGTCTATTAT 1020  
 TAGTGCAACg CnATATAATT TATATCCTGA TGCAGCATAT GAACAATTCA AGGAAGCTTA 1080

	GATTCAAAAG TTAATGCTGA TCATGCCAGA AGGTCCGGCA TTAACGCTAA ATCCTGATTT	1200
	TTTTATGTAT CAAGCATATG CGGCACAAGT AAATCGTGAA ATTGCATTTG TAGATGCAGG	1260
5	ATCAGATTTA ACGTTTGATT TGGAAACCAT TTTAACGAAA ATCGATGAAG TACAACCATC	1320
	ATTTTTTATT ATGAGTAATC CACATAACCC TTCAGGCAAG CAATTTGATA CGGCATTTTT	1380
	AACAGCTATT GCAGATAAGA TGAAAGCATT AAACGGATAC TTTGTCATTG ATGAAGCATA	1440
10	TTTAGATTAT GGTACGGCAT ATGACGTGGA ACTGGCACCA CACATCTTAA GAATGCGTAC	1500
	ATTATCAAAG GCGTTTGGA TGGCCGGCTT AAGATTAGGT GTCTTAATTA GTACTGCTGG	1560
	AACGATAAAG CATATTCAAA AAATAGAACA TCCATATCCA TTAAATGTAT TTACGCTAAA	1620
15	TATTGCGACT TATATTTTTA GACATAGAGA AGAGACAAGA CAATTTTTAA CGATGCAACG	1680
	ACAGTTAGCT GAGCAGTTAA AACAAATATT TGATACACAT GTTGCAGATA AAATGTCAGT	1740
20	GTTCCCATCA AATGCTAATT TTGTACTTAC TAAAGGCTCA GCAGCGCAAC AATTAGGACA	1800
	ATACGTATAT GAACAAGGAT TTAAACCTCG CTTTTATGAT GAGCCGGTGA TGAAGGGCTA	1860
	TGTAAGATAC TCAATTGCAA CAGCATCACA GTTAAAGCAA TTAGAAGAAA TTGTTAAAGA	1920
25	ATGGAGTGCA AAATATGATT TATCAAAAAC AACGAAACAC AGCTGAAACG CAACTAAATA	1980
	TTTCAATATC TGATGATCAG TCACCATCGC ATATTAATAC AGGTGTGGGC TTTTAAATC	2040
	ATATGTTAAC CTGTGTTACA TTTCATAGCG GTCTGTCATT AAACATTGAG GCACAAGGTG	2100
30	ATATTGACGT AGATGATCAC CACGTAACTG AAGATATCGG CATTGTCATT GGCCAATTGT	2160
	TACTTGAAAT GATTAAAGAT AAAAAGCATT TCGTTCGTTA TGGAAACGATG TACATTCCAA	2220
	TGGATGAAAC ATTAGCACGT GTCGTTGTGG ATATAAGTGG GCGCCCATAC CTATCATTCA	2280
35	ATGCATCATT AAGTAAAGAA AAAGTTGGTA CGTTTGATAC GGAGTTAGTA GAAGAATTTT	2340
	TTAGAGCGGT CGTAATCAAT GCAAGATTAA CAACGCATAT TGATTTAATT CGTGGAGGTA	2400
	ATACACACCA TGAAATTGAA GCTATATTCA AAGCGTTTTC CCGTGCTTA GGCATAGCGC	2460
40	TAAGTGCAAC TGATGATCAG CGTGTGCCGT CATCGAAAGG TGTGATTGAA TGATTGTCAT	2520
	CGTTGATTAT GGATTAGGGA ATATTAGTAA TGTAACACGC GCTATTGAAC ATTTAGGGTA	2580
45	TGAGGTGGTT GTCTCAAATA CCTCAAAAAT AATCGATCAA GCAGAAACAA TCATATTGCC	2640
	CGGTGTCGGC CATTTTAAAG ATGCGATGTC AGAGATAAAA CGATTAAATC TCAATGCAAT	2700
	ATTGGCTAAG AATACTGATA AGAAGATGAT TGGTATTTGT TTAGGCATGC AATTAATGTA	2760
50	TGAGCATAGT GATGAAGGCG ATGCATCTGG ATTAGGGTTT ATCCCAGGAA ATATTTCCGG	2820
	TATCCAAACA GAATACCCAG TGCCACACTT AGGCTGGAAT AATTTAGTGA GTAAGCACCC	2880

55

	AATTGCATAT GCGCAGTATG GGGCTGATAT TCCGGCAATT GTTCAATTTA ACAATTATAT	3000
	TGGTATTCAA TTCCATCCTG AAAAAAGCGG TACATATGGG TTACAAATTT TCGGTCAGGC	3060
5	AATACAAGGG GGATTTATAA ATGATTGAAT TATGGCCAGC GATTGATTTG ATTGGGTCAA	3120
	CAAGTGTGAG GTTAACAGAG GGTAAATATG ATAGTGAAGA AAAAATGTCA CGCTCGGCTG	3180
	AAGAAAGTAT TGCTTACTAT AGTCAATTTG AATGTGTGAA TCGTATTCAT ATCGTCGACT	3240
10	TGATAGGTGC TAAGGCACAG CATGCCCGAG AGTTTGATTA TATTAAGTCA TTGAGGAGAT	3300
	TAACAACCAA AGATATTGAA GTAGGTGGTG GCATTTCGTAC GAAGTCACAA ATCATGGACT	3360
	ACTTTGCCGC AGGGATTAAT TATTGCATAG TTGGAACGAA AGGTATTCAA GATACTGATT	3420
15	GGCTTAAAGA GATGGCACAT ACATTTCCAG GTCGCATTTA TTTATCTGTT GATGCCTATG	3480
	GAGAAGATAT TAAAGTGAAC GGATGGGAAG AGGACACAGA GTTAAATTTA TTTAGTTTGT	3540
20	TGAGACGGTT ATCGGATATA CCTCTTGGCG GCATTATATA TACTGATATT GCTAAAGATG	3600
	GCAAAATGTC CGGACCTAAC TTTGAATTAA CTGGTCAATT AGTAAAGGCA ACGACGATTC	3660
	CTGTCATTGC TTCCGGTGGT ATTAGACATC AGCAAGATAT TCAACGATTA GCGTCGCTAA	3720
25	ATGTTACGCG TGCTATTATA GGAAAGGCTG CACATCAAGC ATCTTTTTGG GAGGGGCTAA	3780
	AATGATTAAA AAACGTATCA TTCCATGTTT AGATGTCAAA GATGGTCGTG TCGTTAAAGG	3840
	GATTCAATTT AAAGGATTAA GGGATATTGG GAATCCTGTT GATTTAGCAA TGTATTACAA	3900
30	TGAAGCGGGT GCTGATGAAT TAGTATTTTT AGACATCTCT AAGACGGAAG AGGGTCATAG	3960
	CTTAATGCTA GAAGTGATTG AACAGACAGC GTCACGCTTG TTTATCCCTC TTAGTGATAG	4020
	GGGTGGGATT CAAAGTCTCG ATGATATTAC CCAATTGCTA AATCATGGTG CAGATAAAGT	4080
35	ATCATTAAT TCAAGTGCTT TAAAAAATCC ACAGCTCATT AAACAAGCGA GTGATAAATT	4140
	CGGTAGACAA TGCATCTGCA TAGCAATTGA TAGCTATTAT GATCCTGAAA GAAAAGCACA	4200
40	TTATTGTTGT ACGACTGGTG GTAAAAAAT GACAAATATT AAAGTATATG ACTGGGTACA	4260
	GCAAGTAGAA CAGTTAGGTG CAGGTGAGCT CCTCGTTACA AGTATGGGAC ATGATGGTAT	4320
	GAAACAAGGC TTTGATATTG AACACCTAGC AAATATTAAG TCTCTTGTA ATATTCCAAT	4380
45	CATTGCTTCT GGTGGTGGTG GCAATGCACA ACACTTTGTA GAATTATTTG ATCAGACGGA	4440
	TGTTTCTGCA GGTTTAGCTG CAAGTATATT ACATGATCGA GAAACGACGG TTCAATCTAT	4500
	TAAAGAAGTG ATACGGCAAG GGGGTATAGC AGTAAGATGA CCAAATATAA AATTGATTTT	4560
50	AGCAAAGGTT TAGTGCCAGC AATTTTACAA GATAATCAAA CAAAACAAGT ATTGATGTTG	4620
	GGTTATATGA ACCAAGAAGC TTTTGATAAA ACGATAGAAG ATGGTGTTGGT ATGTTTCTAT	4680

55

	AAAGATATTC ATGTAGATTG CGACAATGAC ACTATTTTAA TTGATGTCAT ACCAAATGGA	4800
	CCAACATGTC ATACAGGCAG TCAAAGTTGT TTCAACACAG AAGTTCCATT TTCAGTGCAA	4860
5	ACATTAGCGC AGACAGTTCA AGATAGTGCC CAATCCAATA ATGAAAAGTC ATATACAAAA	4920
	TATTTATTAA CAGAAGGTAT AGAAAAGATT ACAAAAAAAT ACGGTGAAGA AGCTTTTGAA	4980
	GTCGTAATTG AAGCAATTAA AGGTGACAAA AAAGCATTGT TAAGTGAAGT AGCAGATGAA	5040
10	CTTTATCATT TATTGTCTT GATGCATGCG CTTGGCGTCG ATTTTTCAGA AATTGAGGCG	5100
	GAATTAGCGC GTAGACATCA TAAGCGCAAT AACTTTAAAG GTGAACGACA AAATATCGAA	5160
	CAGTGGTAAA GCAAGTATGG ACTAAGATAT AAGGAAAAGG ATCATGGCTT ATACACTTAC	5220
15	AAATATTGTG GAAAACGTGA CATTTTCAAG TTTAAATAC GACACCAACA TATTTTAACT	5280
	ATGAATGCTG TGATGGTACT AAAGTTGCGA ACTCGTTATA GATAAGTAGT GGATAATCAC	5340
20	AATACGAAAT CAAAAATAAT TATAAAAAGT AAATTGAGCA ACTCAGGAAT AGATGTCACT	5400
	GTTAAAGATG TCGAAAAGTA TATGAATCGA TATAATGAAG TTATGAAGGG AAAAAATGGC	5460
	GAAAAAGCTA AAGAGTTATG TTTGTCGTTA CTACCTATTA ATATCATAGT TGTCTTTACA	5520
25	TTCTTTGTAT TTATACTATA AATACAAATA TATCTAGCCT GAAATAGAAA TGTCATAGCC	5580
	TATTTAAAAG ACAATCTCCA TTAGAACTAA GATATGCATC CCGAAAGTTA GACTAAAAAA	5640
	CTAACTTTAT GGGATGTATT TTTATGCTAA TCATCATAAA TTCGAGATTA AGTTAAAGGT	5700
30	AGTTCAAGAG TAATTAAACA ATAAATwAAA AATAGTAGGA TACTTACTTT GAGGGAAGAA	5760
	AATTAAGTGT ATATATTTAG TTTAGGAACA AGTATTACGG TTTATCCTGA TACAATTATT	5820
	GTGGATGGGA TGATATTTTT AGGTTTAAAA TACGACACCA GCAAACATAA TAACTGTAAT	5880
35	AGCTCATAAA TCTCCCCATA TAGCTAATCT AAAAAAATAA TACATCATTG GAATTAAGCC	5940
	CCAAGCATGT AAATATTAAA AATCAAAAmA GATATmTGTA AAAaAGTTAC AATTtGCATA	6000
40	ATTAAATTGT GTCTAATTAT TGAATAATTA AATTTTGCCA AATATAATAT TAATTAATAA	6060
	TTTGaAATGA TTAGCGTATA CACTTTAAAT TCTCTTGGGA GAATATATTT TTTAAATACA	6120
	AATGTAAACG CTTTCTCGTC AAATTAAACA ATAGAAAGGA TGGTCATTAT GAGTGCTTGG	6180
45	TTAAGTAAAT TATTTGAGTT TATTCCTCGA ATAATTATCA ATTTGTTTAT CTAAAATAAA	6240
	AAAATAGAGG TGCTGACAAT GATGAAAAGT CAAAATAAGT ATAGTATTCG TAAATTTAGT	6300
	GTAGGTGCAT CTTCCAATTT AATAGCTACA TTACTATTTT TAAGTG	6346

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3775 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 238:

	TGATAATGAT TCTCATTGTC ATACATCACG AAGGAGGCTA ATTAGTCAAT GAATAAAGTA	60
10	ATTAAAATGC TTGTTGTTAC GCTTGCTTTC CTACTTGTTT TAGCAGGATG TAGTGGGAAT	120
	TCAAATAAAC AATCATCTGA TAACAAAGAT AAGGAAACAA CTTCAATTAA ACATGCAATG	180
	GGtACAACCTG AAATTAAAGG GAAACCAAAG CGTGTTGTTA CGCTATATCA AGGTGCCACT	240
15	GACGTCGCTG TATCTTTAGG TGTTAAACCT GTAGGTGCTG TAGAATCATG GACACAAAAA	300
	CCGAAATTCG AATACATAAA AAATGATTTA AAAGATACTA AGATTGTAGG TCAAGAACCT	360
	GCACCTAACT TAGAGGAAAT CTCTAAATTA AAACCGGACT TAATTGTCGC GTCAAAAGTT	420
20	AGAAATGAAA AAGTTTACGA TCAATTATCT AAAATCGCAC CAACAGTTTC TACTGATACA	480
	GTTTTCAAAT TCAAAGATAC AACTAAGTTA ATGGGGAAAG CTTTAGGGAA AGAAAAAGAA	540
	GCTGAAGATT TACTTAAAAA GTACGATGAT AAAGTAGCTG CATTCCAAAA AGATGCAAAA	600
25	GCAAAGTATA AAGATGCATG GCCATTGAAA GCTTCAGTTG TTAACCTCCG TGCTGATCAT	660
	ACAAGAATTT ATGCTGGTGG ATATGCTGGT GAAATCTTAA ATGATTTAGG ATTCAAACGT	720
	AATAAAGACT TACAAAAACA AGTTGATAAT GGTAAAGATA TTATCCAAC TACATCTAAA	780
30	GAAAGCATT CATTAAATGAA CGCTGATCAT ATTTTGTAG TAAAATCAGA TCCAAATGCG	840
	AAAGATGCTG CATTAGTTAA AAAGACTGAA AGCGAATGGA CTTCAAGTAA AGAGTGGA	900
35	AATTTAGACG CaGTTAAAAA CAACCAAGTA TCTGATGATT TAGATGAAAT CACTTGGAAC	960
	TTAGCTGGCG GATATAAATC TTCATTAAAA CTTATTGACG ATTTATATGA AAAGTTAAAT	1020
	ATTGAAAAAC AATCAAAATA ATTAAGGAGT TTTACGATGC TACTTAAACC AAAATACCAA	1080
40	ATCGTTATTG CTGGTTTATG TCTTGCAATA GTAGCTATCT TAAGTTTAAAT GATTGGAAAT	1140
	ACGCTTGTTG CACCAGGTAC GGTGATACAG GCGTTATTCA ACTTTGATAG TGAAAACGAT	1200
	TTACATGATG TTGTCACCTG TGCACGGGCG TCGAGAACAA TCATTGCGTT ATTGACTGGT	1260
45	GCTGCCCTTG CTGTCTCAGG TTTGTTGATG CAAGCACTTA CACGAAACCC AATAGCCTCA	1320
	CCAGGGCTTT TCGGTGTCAA TGCAGGCGCA GTATTTTTTG TCATTTTTAG TATTACATTT	1380
	ATCCAAATTC AATCTTTTAA AATGATTGTA GTTATTGCAT TTTTGGGGGC TATTGTTGTT	1440
50	ACTGTATTAG TTGTTGCACT AGGTATGTTT AGACAAACAC TATTCTCACC TCACCGTGTC	1500
	ATTTTGGCAG GTGCTGCGAT TCGATGCTA TTTACAGCCT TTAACAAGG CATACTTATT	1560

55

	AATATTTGGG ATATCCCATG GATTATTCCG CTTGTATTGA TACTTATTTT AATTGCATTT	1680
	AGCATGGCTG CACACATCAA CATCTTGATG ACAAGTGACG ACATTGCAAC CGGCCTCGGT	1740
5	CAAAACATAA AATTAATCAA ATGGATGATT ATTATGCTCA TCAGTATGTT AGCCGGTATT	1800
	TCGGTAGCCG TAGCTGGATC AATCGTCTTT GTGGGTCTTA TCGTACCGAA TATTAGCAAA	1860
10	CGATTATTAC CACCAAACTA TAAGTATTTA ATTCCTTTTA CTGCATTAGC TGGAGCAATC	1920
	CTAATGATCA TTTCAGACAT TGTGCTCGT ATAATAATTA AGCCACTAGA GTTGCCTATC	1980
	GGTGTGTTA CCGCTGTCAT TGGCGCTATT GTCTTAATCT ATATTATGAA GAAAGGACGT	2040
15	CAACGCTTAT GACCGAAAAG ATTAATAAAA AAGACAATTA CCATCTCATC TTCGCGTTAA	2100
	TCTTTTTAGC CATCGTTTCA GTGGTAAGTA TGATGATTGG TTCAAGCTTT ATACCATTAC	2160
	AACGCGTACT GATGTACTTT ATAAATCCAA ATGACAGTAT GGATCAATTC ACTTTAGAAG	2220
20	TATTACGCTT ACCTCGCATT ACACTTGCGA TTTTAGCAGG TGCCGCACTA GGAATGAGTG	2280
	GTTTAATGTT GCAAAATGTA TTAAAAAATC CAATTGCCTC ACCTGATATT ATCGGTATCA	2340
	CAGGTGGTGC TAGCTTAAGT GCTGTTGTCT TTATTGCATT TTTCAGCCAT TTAACAATAC	2400
25	ATTTACTTCC ACTATTGCA GTATTAGTG GCGCAGTGC AATGATGATA CTATTAGTGT	2460
	TTCAAACGAA AGGACAAATA CGCCCGACAA CACTCATAAT CATCGGTATT TCGATGCAAA	2520
	CGTTGTTTAT TGCGCTTGTC CAAGGATTAC TCATTACAAC GAAGCAATTA TCTGCTGCCA	2580
30	AAGCTTATAC ATGGCTAGTC GGAAGTCTTT ACGGTGCTAC GTTTAAAGAT ACAATCATTT	2640
	TGGGTATGGT TATTTTAGCT GTTGTGCCGT TGTTATTTCT TGTTATACCA AAAATGAAAA	2700
	TATCTATACT TGATGACCCT GTAGCGATTG GCTTAGGCTT ACATGTACAA CGTATGAAAC	2760
35	TAATCCAATT AATCACTTCT ACTATACTCG TATCTATGGC AATCAGTTTA GTAGGTAACA	2820
	TTGGSTTTGT CGGTTTAATC GCACCACATA TCGCGAAAAC AATCGTTCGC GGAAGTTATG	2880
	CTAAAAAGTT ACTAATGTCA GCAATGATTG GTGCCATATC AATTGTTATT GCAGACTTAA	2940
40	TTGGGCGTAC CTTATTCTTG CCTAAAGAAG TGCCAGCAGG TGTATTTATT GCTGCTTTTG	3000
	GTGCCCCATT CTTATATAC TTATTATTAA CCGTGAAAAA GTTATAACGA TATTATTAAA	3060
45	ACAAATGAC CTCACAACGA AGTTAGCTAA ATGATTCAGT TAACTAACCG TTGCGAGGTT	3120
	TTTTTATACA TATAGTTGTT GTTATTGTTA ACAAGCGTCG ACTTCTTAA TTACATATTA	3180
	ATACTTTATA TACAAATAAC ACCGACTCAT ATTCTATAAT ATCAATCAAT ATTCTTCGAT	3240
50	TTTTCAAATA TCGATAACTA TTTCTTATTT AAATATAGTG TTGATAATG TCATTTATTC	3300
	AAAAACACAA ATTTTAATAA AAATATCATA TTATTTTAA TTGTAAATTA TGGATTATTT	3360

55

ATATAATAAC CATGACAAAA TTAGAGATTT TATAATCATT GAAGCATATA TGtnTCGTTT 3480  
 TAAGAAAAAA GTCAAGCCTG AAGTCGATAT GACTATAAAA GAATTTATAT TACTGACTTA 3540  
 5 TTTATTTTCAT CAGCAAGAAA ACACACTTCC ATTTAAGAAG ATTGTTTCAG ATTTATGTTA 3600  
 TAAACAATCG GATTTAGTAC AGCATATAAA AGTACTTGTG AAACATTCAT ATATTAGTAA 3660  
 AGTTCGAAGT AAAATTGATG AGCGTAATAC TTACATTTCA ATATCTGAAG AACAAChAGA 3720  
 10 nAAAATTGCA GAACnTGTTA CATTGTTTGA TCAAATCATT AAACAATTTA ACCTT 3775

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 239:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1361 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 239:

AGAAAAATTA GCCTACCTAT GCAAGTTGTT ATTGCATTAG TGTTAGGTGT TGTCGTAGGA 60  
 25 CTTTTATTAT ATGGACAAGA AAACGTAGCA AATTACATTA AACCATTGGG TGACGTATTT 120  
 TTAAATTTAA TTAAATGAT CGTTATACCA GTTGATTTTT GCTCACTAGC GCTTTCTATT 180  
 TCGAACGTTG GGGAAATCGAA AACTGTAGGG CGTTATGGCT GGaAAACAAT TTTATACTTT 240  
 30 GAAATTATTA CAACAATCGC AATAGGTTTA GGGATTATCT TCGGTAACCT ATTTAAACCA 300  
 GGTGCTGGAT TAGACCCAAC AAAATTACCT AAAGGTGATA TTTCTAAATA TCAATCAACT 360  
 GCACATGCAG CAGAACAATC TACATATGGa AATCATTTTA TTGATACCAT TGTACATATT 420  
 35 ATTCCGACAA ACTTTTTTGA AGCTTTAAAT AAGGGTGAAT TATTACCTAT TATCTTCTTC 480  
 GCAGTATTCT TTGGATTAGG ATTAGCTGCT GTAGGTAAAA AAGCAGAACC AGTTAAAGAA 540  
 TTTTAAAGCG GATCGCTTGA AGCTGTGTTT TGGATGATTA ATAAAATTTT AAAATTAGCA 600  
 40 CCACTTGGAG TGTTTGCATT CATTTGTA CTACAATTATTA CATTTGGTGC ATCCGCATTA 660  
 TTACCACTAT TAAAATTAGT ATTAGTTGTT GTCTTTGCAA TGGTGTCTCT TGTATTGCTT 720  
 ATACTAGGAC TAGTTGCATG GATGTGTGGT ATTAATATCA TGAATATTAT TAGAATCTTG 780  
 45 AAAAGTGAAT TGCTTTTAGC ATTTTCTACA TCAAGTTCGG AAGCTGTACT TCCTGTAATG 840  
 ATGAAGAAAA TGGAAAACCT CGGTTCTCCA AAAGAAATTA CTTCTTTTGT TATACCAATT 900  
 50 GGTATACGT TTAACCTAGA TGGATCAGCA CTTTATCAAT CTATTGCAGC ATTATTGCTT 960  
 GCACAGATGT ATGGAATGCA CTTAACATTA TCAGAGCAAA TTGTGTTGAT GTTAACATTA 1020

ACATTAGGTG CCATGGGCTT ACCGGCACAA GGTTTAGCAT TAATTATTGG TGTGACCGT 1140  
 ATCTTAGATA TGGTACGTAC ATGTGTAAAC GTTATTGGTA ATGCATTATC AACAAATCGTT 1200  
 5 ATAGCTAAAT GGGAAAACGT ATATGACAAA GCAAAAGGTC AAGAATATTT AAAATCAATT 1260  
 TAAAAAATAC TATCTGACAT TTAAGnCCCC TTACAACCTT TGGTTgTnAG GGCTnTTTTA 1320  
 TGTCATGCGT CTAAAGCCA GGCCGTATAn CGGTAAGCGT A 1361

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1489 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 240:

TCAATATGTA AATCGGCGAT TGTCCCTATC tTCATACCCT TACCTTCTTT ACTCAAATTA 60  
 AAATGTTATT TATTATGCCA TaGCTTATCT AATATATATA GTTAACTGCT TCATTTAGAT 120  
 25 GATTATTTTA TATTTTGGCA TAAAACTTA TATCTTTTCA AAAAAATCGA TAAGTTTTAG 180  
 TTATCATACC CTTACCTATC AAATGTTTTT TCTTATATTT AAAAAATAA TTGCTTTATT 240  
 AAATGGATTT CTTTAGTATT TATAATTAAG AAAACGCTTA CACACAACCT TTTTATTTGC 300  
 30 TTTATCCTGA GGAGGAAAAT TATGGCAAGA AAATTGCATA GAGAGTTGAA TAACAGACAC 360  
 ATCCAATTAA TAGCAATTGG GGGCGCAATT GGAAGTGGT TATTCCTAGG ATCAGGTCAA 420  
 ACAATATCTT TAACTGGTCC ATCACTGTTA TTCACATACA TGATTATTGG GGTGTACTA 480  
 35 TTCGCTTTTA TGC GCGCATT AGGCGAATTG TTGTTGAGCA ATACAAGATT TAATTCATTT 540  
 GTTGATATTG CAAATGAATA TTAGGCCCT TTTGGTGGCT TTGTCATTGG CTGGACTTAC 600  
 TGGTTATGTT GGATTGTATC AAGTATGTCA GACCTAACTG CGATGGGACA ATACTTTGCA 660  
 40 TTTGGTATC CACAAGTCCC AAATTGGATT ACCGTGCTAT TTATTGTTTT AATCTTGATT 720  
 AGCTTCAACT TATTAGGTGC CAGATTATTT GGTGAAGTGG AGTTTTGGTT CTCGATTATT 780  
 AAAGTTGTCA CAATTATTGC GATGGTTATC GTTGGTCTTG TATTAATCTT TTTCTCATTT 840  
 45 AAAACACATT ATGGACATGC ATCATTCACA AACTTAATCA GTCACGGTGG CATGTTCCCT 900  
 GGTGGAaCAT TTGGTTTCTT AATGTCATTC CAAATTGCTG TATATTCAIT CATTTGGTATT 960  
 50 GAACTTATAG GTGTAACTGC TGGTGAAaCG AAAGATCCTG AAAAAACCTT ACCGAAAGCA 1020  
 ATTAATAATG TACCTATCCG TATTTTATTA TTCTATATCG GTGGTCTATT AGTAATTATG 1080

TTAATCGGCG TACCATTTGC AGCAGGTGTC GTTAACTTTG TCGTGCTAAC TGCCGCGGCC 1200  
TCTGCTACAA ATAGTGGTAT CTATTCTGAAT AGTCGTATCT TATTCTGACT GTCACAACAA 1260  
5 GGGTTAGGTC CTAAAGTTTT AAATAAAACG AATAGTCATG GCGTGCCTTA TTTATCAATG 1320  
TTAGTTTCAT CAATTGCATT ACTTATAGCA GCCTTGTTAA ACTACATTTT CCCTAATGCA 1380  
ATTCAACTAT TCATATACGT TACAACGTTA tCAACTGTGT TGTTTTTAGT TGTtTGGGCA 1440  
10 ATGATnATTG TCGCTTATCh AATGTATTTG GAAAAAGCAT CCTGAGGCA 1489

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 241:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15 (A) LENGTH: 5000 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 241:

TTTTCCATCA TrATcACCAT TTAAGACAAT AGCTGTATGA CCATATCCTC CACCAAATCT 60  
25 TCCACTAAAA ACCACTAAGT CCCCAGGTTC AGCTTTGAAA GTTGGTGTGT TGTGATAAAT 120  
TTTAGCTTCA CTATTAAAT TATTTCATA TGGTATATCT TTAGCTCCAT ATCCTTTTAA 180  
TCCAkGACCA TAAAGAkGAT TCCAATATAC ATTAACATAA TCGAAACATT GCCATCCATA 240  
30 ACTACCGTCG AAATCCCATC CTCTATTCTC TAATGTTTTC AAATAATTTA ATGTACTGCT 300  
ATTACTATTA CTTTTATTAT TTGAAGACAC TGTTTTTGGT TTTGGTTCTA CTAATGGTGT 360  
CATTGGCACT TTTAATTTTT GACCAATAAA TATTAAATTA GGATTGCTA TATTATTTGT 420  
35 ATTTTGAATA TTTGAAACTG TAGTTTTGTA TTTTAATGCT ATAGCACTAA GTGTGTCTCC 480  
TTTTTATACA GTATAGATTT GTGTTTTTGG AGCTTCTCTA AACTGTAGT AACCAAAGTA 540  
ATTATTAGTA ACTTTATTCG TTTTCTTCTG ATTAGAATTT TGAGCTTCCA AGTTTGCAAT 600  
40 TTTAATTTCT TTAGTAAGTT CATTTGTATT AATAACTAGA TTGTTACCTT GGCTTGAGTT 660  
TTTCGGAGTA TTTGAAATCT TTATATCTTG ATTAATTTCA TTTCCGTTTG AAATTGCTGA 720  
TTTGTGTCT AACTTTAAAC TTGTGTCCGA TGTTTTAACA GCACCTTCAT TTTTATTTT 780  
45 GTCTTTTGTC GTATTTTTAT TAGCATTTAA CTCTGATTTT GCGAATACAT TTTGCTCATA 840  
CCCTCTTGTA AAATCTTTAG ATTTATCAAT TTCATCTGCA TATGCTTTGT TCGACATACC 900  
CAATGCCAAA AACATACCTA TTGAAATTGA CAAAATTCCA ATACTAACTT TTCTAATTGA 960  
50 ATAGCGTACT TTACTTTGTT GTTTATTCAT GATGAAACAC TCCTTACAAT AATATACAAA 1020

55

	GTAGGAGGTA AAATAATTAA CTTGTCTTTC CAAAATATGA AAAGTGTACT AAAaTTCATC	1140
	GCACGACAAA TAGCCCATTT CCGATACTTT TATAAAGTAT GGAaTGGGCT ATAGCCATTT	1200
5	ATATCATCTT TTAACTTTAT TTATTAACAG TTAATAATGA TTCATAAATA CCTGCTTCTT	1260
	TAGCAGCTTC AATTAATGTT GAACCAATTT CTGAAGGTGT TGCCGCTGTT TTCACACCAC	1320
	AACTATTTAA TGTTTTAATT TTCTCTTCAG CAGTACCTTT ACCACCTGAA ATGATTGCAC	1380
10	CAGCATGTCC CATACGTTTT CCAGGAGGTG CTGTTTGTCC ACCGATAAAG CCTACAACCTG	1440
	GTTTTGTGCT ATTCGCTTTA ATCCATTTCAG CTGCTTCTTC TTCAGCCGTA CCACCGATTT	1500
	CACCAATCAT AACAACTGCT TTCGTTTCGT CATCTTCATT GAATGCTTTT AAAACATCAA	1560
15	TAAAGTTTGT TCOGTTGACT GGGTCTCCAC CAATACCAAC AGCTGTAGTT TGACCAATAC	1620
	CTTCTTCAGT CAATTGGTGC ACTGCTTCAT ATGTTAATGT ACCTGAACGA GATACTACAC	1680
20	CAACATGACC TTTTTTGTGA ATATAGCCAG GCATAATACC AATTTTACAT TCATCTGCTG	1740
	TAATCACACC TGGACAGTTC GGACCAACTA AACGTGTTTT TCTACCTTGT AAGTAGCGTT	1800
	TAACTTTAAC CATGTCTAAT ACAGGAATAT GTTCAGTGAT ACAAATAACC ATATCTAAGT	1860
25	CTGCATCAGC TGCTTCTAAA ATTGAGTCTG CAGCAAATGG TGCTGGAACG TAAATGACTG	1920
	AAACCGTTGC CCCAGTTTCA TTTTGTAGCTT CTTCAACAGT GTTGAAAACA GGAACGCCTT	1980
	CAACAACTTG ACCACCTTTA CCAGGCGTCA CACCTGCTAC TATTTTCGTA CCATAATCAA	2040
30	GCATTTGTTT TGTATGGAAA AGGGCAGTAG ACCCTGTAAT ACCTTGTAAC ATTACTTTAG	2100
	TATTCCTTATC TATAAATACA CTCATCTTAG TGCTCCCATC CTTTCCTTAT GCTTCTTTGA	2160
	CTAGTTTAAC AATTTTTTGT GCACCTTCAG CCATTGTTGC TGCTGGTTCA ATTGCTAATC	2220
35	CTGAGTCTTT TAAGATTTTT TTACCTAACT CAACATTTGT ACCTTCTAGG CGTACAACTA	2280
	GTGGTAAAGT TAAATCTACT TCTTTTACAG CTTCAACGAT ACCTTCTGCG ATAACATCAC	2340
	ATTTTATAAT GCCACCGAAA ATGTTTACAA AAATACCTTT AACATTTTCA TCACCTAAAA	2400
40	TGATTTTAAA TGCTTCAGTT ACTTTTTCTC TAGTAGCGCT TCCGCTGCA TCTAAGAAAT	2460
	TGGCTGGGTT TCCACCGAAA TGATTAATCG TATCCATTGT TGCCATGGCT AAACCTGCAC	2520
45	CATTAAACAT ACATCCGATG TCACCATCTA ATGCAATGTA TGATAAATCA TGTTTAGACG	2580
	CTTCAATCTC TTTCCGATCT TCTTCTTCTA AATCACGTAA TTCTACAACA TCTTTATGTC	2640
	TGAATAATGC ATTATCATCA AAATTAATTT TAGCATCTAA TGCCAATACA TCACCATCAG	2700
50	CTGTTGTAAC TAATGGGTTG ATTTCTACGA TTGAACAATC TTTTCAATG AATACATTAT	2760
	AAAGTGCTAA TAAGAATTTA GCAGCTTTGT TAACAGATTC TTTAGGAATA TTAATATTAA	2820

55

	AGATCTTTTC AGGAGTCTTC GCAGCAACTT CTTCAATCTC AGTGCCCCCT TCTTCAGACG	2940
	CCATCAATGT TACTTGGTCA GTCGCACGAT CAATAACGAA TCCAACGTAA TATTCTTTTT	3000
5	GAATAGCACA ACCTTCTTCG ATATATAAAC GCTTAATTTT TTTACCTTCT GGACCAGTTT	3060
	GATGTGTCAC CAAAGTTTTT CCTAATAATT CTTTTGCATA TGTTTCTACC TCAGATAAAG	3120
	ATTTAGCAAT TTTTACTCCG CCTGCTTTAC CTCTACCTCC AGCATGAATT TGTGCTTTTA	3180
10	CAACATAAAC ATCAGAATTT AATTCTTTTG CTTTCTCCAC CGCTTCTTCA GCAGTAAATG	3240
	CTACTCGTCC TTCTGGAAGT GCAACGCCCA TTGAACGAAA TATTTCTTTA CCTTGATACT	3300
	CGTGGATATT CATCTTCCAT CCTCCTGTTA CTTAGGTAA GTTCCCTTAC AATTATAAAA	3360
15	AATGTAAGCG CTATTGTAAA CTTAAATGCT ACTTTTTTAT CATTTAATTG AATTTTACGA	3420
	TTTACAGTAA CGATTTTATA GGTTCAAAGC TTTTCTATG CTCTTTCATA ATGCCAATAT	3480
20	CATCGATTGC TAGTAAATGT TGTTTGGTAC CGTAACCCGC GTTTTTTTCA AAACCATATT	3540
	CAGGATAATC TTTAGATAAC TGTGTCATAT AATCATCACG AAAAACCTTT GCCATGATAC	3600
	TTGCAGCTGC AATGGACACA CTTCTTGCAT CACCCTTGAT TAAAGATACT TGAGGCAGTG	3660
25	CATTATCAAG CGTCATCGCG TCTATCAATA AATGCGTTGG TTGTACTGAT AATCCATCAA	3720
	TAGCTCGCTG CATGGCGATT TGAGTAGCTT TATAAATATT AAATTCATCT ATTTCTTnCA	3780
	GtGTCGCGAT CCCATATGCA AAAGCAGTAA CTTCATTTTT TAGTGCTTCA TTTAATTCTA	3840
30	GACGTTTCGT AACAGGTACT TTTTTCGAGT CATCAAGGCC CAAATAATTG TGATTTGAAT	3900
	TTAAATTTGT TGCGCATGCA ACGACTGGAC CTGCTAAAGG TCCTCTTCCA ACTTCATCAA	3960
	TCCCACAAAT AATAGCATTG GGATGCTCTT TTAATATTTT ATTTTCAAAG TAAGTCATTT	4020
35	CAACATACTT TTCTTTTAAA GCTTGTTCTT TTTCTAACGC TTTTCTGCGC CTAGCTATGG	4080
	CATTTTGAAC ACCTTTTCGC TCATCTAAAA AGCATTCATG ATTTTCTAAT TCTTCTATTG	4140
	TATTAAACCGC ATTAATCAAC TGCGTAACTT CTTTAATTGT TAGCGTCATT TGCTAATTCC	4200
40	TCAGTCATAT CTTTAAAAAT ATCAAAACAA TAATTTCTTA TTTTAGCATT TCGAATATCA	4260
	TAAATAATCA GTTCAATGAC TGCTTCGTAA TCAATTTTCA TACCACGTCG AATTAAGCCC	4320
45	ACGTTTTTTC CCTATCGCAT CAAACCACGC TATGATTTCT GCATCTTCAG GAACTTCAAT	4380
	ATTATAATGT GACTTTAATC GCGCTAAATC ATTTTGAATT AAAAAGTTTA ATCCATAGAT	4440
	GGCAACTTCA TCTAAGTGCA CAATACTATC TTTTATCGCA CCAGTTAAAC TCAACTTCTT	4500
50	ACCGACTTCT TCATCTTCAA ATTTAGGCCA AAGTATCCCT GGTGTGTCTA ATAGTTGTAA	4560
	TGCATTACCA ACTTTAATCC ATTGTTGTTG TTTGGTCACA CCTGGTTTAT TACCAGTCTG	4620

55

AACGATCATT GCTCTTATCG CTCTAGGTTT AAGTCCTTTC GCTTTTTTCGC GTTCAAATTT 4740  
 TTCAGCAGTC GCCTTAATTG CTGCAGCTTC CACTTTCTTT AAATTTTAC CGTGCTTAGC 4800  
 5 ATCCACTGAT ACAGGATAgT AtCCTTTATC AATAAAAAAT tGTTCCCATT TTGACATCTC 4860  
 ATTTAAATTA GACATATCTT TTTTATTTAA TATAACAACA CGTGGTTTTT GGTTAATAAC 4920  
 10 TTCATCTATC ATAGGGTTTC TTGAAGTATA TGGAATTCTT GCATCTACTA GTTCAAACAC 4980  
 TACATCTACT TTTTTTAATT 5000

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 242:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1700 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 242:

AACCCGnAGA CGAAACnCA TAGTTGCCTG TTATGTTGAT TAGTGCGTTT GTAGCTATTT 60  
 25 nAAATCAAAC ATTATTAAAT ACAGCGTTac CTAGTATAAT GAGAGAATTA AATATCAATG 120  
 AAAGTACATC GCAATGGCTA GTTACTGGGT TTATGCTTGT TAATGGCGTC ATGATACCTC 180  
 TGACGGCATA TCTAATGGAT AGAATTAAAA CTAGACCTTT ATACTTAGCG GCGATGGGGA 240  
 30 CATTTTATT AGGTTCTATT GTTGCAGCCT TAGCTCCGAA TTTTGGAGTT TTAATGTTAG 300  
 CTCGTGTAAT TCAAGCGATG GGTGCAGGCG TACTTATGCC CTTAATGCAA TTTACGTTAT 360  
 TTACATTGTT CAGTAAAGAA CATCGAGGTY TtGCAATGGG ACTAGCAGGT TTAGTAATTC 420  
 35 AATTTCACC AGCAATAGGA CCTACAGTTA CAGGATTAAT TATTGATCAA GCGAGTTGGC 480  
 GAGTfCCATT TATTATAATT GTAGGAATTG CTATACTTGC CTTTGTttTC GGTtTGTTTT 540  
 40 CAATCTCGAG TTACAATGAA GTGAAATATA CGAAATTAGA TAAGCGTTCA GTAATGTATT 600  
 CAACTATTGG GTTCGGGTTA ATGCTATACG CATTTAGTAG TGCAGGAGAT TTAGGATTTA 660  
 CAAGTCCAAT AGTAATAGGT GCGTTGATAT TAAGTATGGT TATTATCTAT TtATTTATAC 720  
 45 GTAGACAATT TAATATTACT AATGCACTTT TAAATTTAAG GGTttttTAAA AATAGAACAT 780  
 TTGCATTATG TACGATTAGT TCAATGATTA TAATGATGTC AATGGTTGGA CCTGCGCTGC 840  
 TTATACCGCT ATATGTTCAA AACAGTTTAT CTTTATCTGC CTTGTTATCA GGACTTGTTA 900  
 50 TCATGCCTGG TGCAATAATA AATGGTATTA TGTCAGTTTT TACAGGTAAA TTTTATGATA 960  
 AGTATGGTCC TAGACCATTG ATTTATACTG GTTTTACAAT TTTAACAATT ACTACAATTA 1020

55

GAATGTTTTTC AGTTTCTTTA CTCATGATGC CGATAAATAC TACAGGAATT AATTCTTTGA 1140  
 GAAATGAAGA AATCTCACAT GGCACGGCTA TTATGAACTT TGGTCGTGTA ATGGCTGGTT 1200  
 5 CACTAGGCAC AGCTTTAATG GTTACATTAA TGAGTTTGG TGCAAAAATA TTTTATCTA 1260  
 CATCGCCATC GCATTTAACT GCAACTGAAA TTAAACAGCA ATCCATTGCT ATAGGGGTGG 1320  
 ATATCTCATT TGCTTTTGTA GCTGTGCTTG TTATGGCAGC TTATGTGATA GCACTTTTTA 1380  
 10 TAAGAGAACC TAAAGAAATA GAAAGTAATA GAAGGAAATT TTAAAATAAT TATAGTAGTT 1440  
 GGTCTATTTA AAATAATAGG CTAAGTCTT TTTTATTTA ATAAAAAGTT TTATACTTTT 1500  
 AGTGATAGAC TAAGCAAAAA TTGTTATTTG CTATGATGTA GATGTCTTAA AATGATTAAG 1560  
 15 GGGGATTTGC TTTGTAAACG GTAGATCAAG TGAAAGAATT GGTAGGAGAA ATTAAAGATC 1620  
 CTATTATAGA TGTGCCTTTA AAAGAAACAG AAGGTATTGT TGAnGTTTCT ATTAAGGGAG 1680  
 20 AAnAAGAACA TGTGAGTGTT 1700

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 243:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 10146 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 243:

TGCATCAACT TTCAAACAAT AAATCATCAC AATAACCACA CCTAATTCAA CACTTTTCAA 60  
 ACATAAGTAT TGACACATTG AGCAAAATGA TTTTAAATTG TAACTAATAC AGTTACAATT 120  
 35 ATGAGGTGAG AAACATTGAA TTTAGAATTT AACATTGCCG TGCATGTATT AGCTTTTTTA 180  
 ACTAAGCATC aTTCAGAAAA ATTCAATAGT AGTTCATTAG CAGAAaTTAaC TTGTTTAAAT 240  
 CCTGTTCAAT TACGACGCGT GACGACTCAA CTGTGCGATT TAAAAATGAT TGACACAATA 300  
 40 CGAGGTAAAG ATGGCGGTTA TTTAGCAAAT GATCAAAGTG CTGATGTCTC TCTAGCAACA 360  
 TTATaTAAAC ATTTTGTCTT AGAGAAAGAA CACCACACAC GTCTATTTAC TGGCGACGAA 420  
 GGCAGTCACT GTCAAATTGC TCGTAATATT GCAACTACCA TGTCACATTA TCAGCAAGAC 480  
 45 GAACAGAATA TCATTATTAA TTTTATAAT GGAAAAACAA TCAAAGATGT CATTGAAGAC 540  
 ATTCAAAGG AGGATTTATG TCATGAAAAC ATATGATTTA ATTGTAATAG GATTGGGAA 600  
 50 AGCTGGTAAA ACTTTAGCGA AATACGCTGC ATCAACAGGT CAACACGTCG CAGTTATCGA 660  
 ACAATCTCCG AAAATGTATG GAGGCACTTG TATAACATA GGATGTATAC CTTCGAAGAC 720

	TGTTGTCAAT GCGCTAAACA ATAAAAATTA CCACTTATTA GCAGACGATA ACAACATTGA	840
	TGTAAGGAT TTTAAAGCGC AGTTTAAATC TAATACTGAA GTGAATTTAT TAGATCAACA	900
5	TGACGATATC GTCGATAGTA TTAAGTGCACC TCATATCATT ATTAATACCG GTGCTACCTC	960
	TGTCATTCCCT AACATTAAAG GCCTTGATCA AGCTAAACAC GTCTTCGATT CGACAGGTTT	1020
10	ATTAAACATT AGCTATCAAC CTAAGCACCT CGTTATTGTA GGTGGCGGTT ATATCGCCTT	1080
	AGAATTTGCT TCAATGTTTG CGAATTTAGG TAGTAAGGTA ACAGTATTAG AACGTGGCGA	1140
	ATCATTATATG CCACGCGAAG ATCAAGATGT CGTTGCATAT GGTATTACTG ACTTAGAAAA	1200
15	TAAAGGCATT GCATTGCATA CAAATGTTGA AACGACTGAA TTGTCATCTG ACAATCATCA	1260
	TACAACAGTC CATACCAACG TTGGTAACTT TGAGGCTGAT GCAGTACTTT TGGCTATCGG	1320
	GCGCAAACCG AATACGGATT TAGCTTTAGA AAATACTGAT ATCGAATTAG GCGACAGAGG	1380
20	CGAAATTAAA GTCAATGCTC ATCTTCAAAC AACTGTGCCG CATATTTATG CTGCAGGTGA	1440
	TGTTAAAGGC GGACTTCAAT TTACGTATAT ATCTTTAGAT GATTATCGAA TTATCAAATC	1500
	AGCGTTATAT GGTAATCAGT CACGTACGAC TGACAATAGA GGCAGCGTGC CTTATACAGT	1560
25	ATTTATAGAT CCACCATTAT CACGTGTTGG ATTAAGTAGT AAAGAAGCTG CCGCTCAACA	1620
	TTATGATTAC ACTGAACATC AACTTTTAGT AAGTGCTATA CCTCGTCATA AAATTAACAA	1680
	TGATCCAAGA GGTTTATTTA AAGTAGTCAT TAATAATGAA AATAATATGA TTTTAGGTGC	1740
30	TACATTATAT GGTAAGCAAT CTGAAGAATT AATTAATATA ATTAAACTTG CGATTGATCA	1800
	AAACATTCCA TATACCGTAT TACGAGATAA TATTTATACG CATCCTACGA TGGCCGAATC	1860
35	ATTTAATGAT TTATTTAATT TCTAGACAAA ACATAAAAAC CTGGTGGCAC GCATTGAATG	1920
	ATGCTGCCAT CAGGCTTTAT TGTTGTGCTT TTCGCTTTTC TAATTTTCT TTAAGCTTTC	1980
	TATCTGTGTTT TTCTTTACGA CGTTTACGTT CTTCATGTCG TTTCTTAAA CGCTCTTCTT	2040
40	CTTCAGGATC ACGTGGTTTC TTTAATTGTT GAGAACTTT TTCGATTAAAT TCTTCTTCAG	2100
	TAAGCGCagc CAGTGGGCGG TTATTAACAA AAGTGAATGT TTTTCGGCGT CCAGGTCCAC	2160
	AATAAGATTG ACAACCTATC ACGATTTTCAG CATCGGGATC TAATTTTTC AACTTCTTTT	2220
45	GTAACGTTCT TATATTGACT GCCTGACATT CATCACAAAT AAGGAATGTA TTTTTCATAT	2280
	TGCTACCCAC CTTTCTTTAT CATATCTATA TCGTCGATTT CATTAAATTT TCGTTAACT	2340
	CTATCTATTT TACTCTTTTT AATAATTTTT TCAAGATACG TAACACGGCT GaCAATAAAA	2400
50	AATGGAGCAT TTATCTTCTA ATTAAATTAG ATGaTTGCTC CCCTATCAAA TCATTTATTG	2460
	CCCATGATAA ATATTAAATT TTAATGGTTT AATACCATGT TTTGTCCATT CATCATAAAT	2520

55

	TGATGTTTTA	GATGCGCCGT	GATACTTTTC	AGCAATATCA	CACAAATATT	TTAGCTTTTC	2640
	AGTTTCTATA	TCAACTGTAG	CTTCTTTATC	CATACGTTGA	ATAATTGTAC	GATTCTGACG	2700
5	CACCATCTTT	TGCACACCTT	TAATGTTATT	TGTTTTAAAA	GCATGAATAA	GTTTTTCAAC	2760
	ACAACGATGT	GAATCTTCTA	AGAAGTCACC	GTAAAATGAA	GGATCTGATT	TCAAACGTTT	2820
	CACTTCGCTA	ACAAAGTGTG	GTGATGACGC	CGGTGAGCCA	GTCCAACCGA	TAAGTACTTC	2880
10	CATATTTTCA	GGTGCTTGTA	ATGGTTCGAT	GTGCAATCCA	GGCCAGTTTT	TGATTAAAAAC	2940
	TTCTTCAACC	GTAGTATCTT	CAATTTGATG	CTTAACCCAT	TCATGATCAA	AAGTACTATA	3000
	CGCTAGCCAT	CCACTATATA	CACTCACAGC	AATATCTCCG	CATGAACCTA	AACCTTGTAA	3060
15	CTTCATATTT	GCAATCACTG	CTAGTTTATA	AATGTATAAA	TTAGATAACT	TCATATCATA	3120
	AAATTCATTT	AATACTTTTA	TAACTGACAC	AAGTACTGCT	GCACTTGAAC	CTAATCCATA	3180
20	TTTATGACCA	TTTGAATCAT	CTAAATTACT	ATCAATAGTC	AGATGAAAAT	GCTTCATCGC	3240
	TATATCGCAA	CTTTTCGCGT	ATTGTTCAAA	TATTTCAATA	GCTGTGaCCA	CATAATTTAA	3300
	TTGTTTTGCT	GcATGTGGAT	CTGAAATGAC	AATACTATCT	TCATCTCTAC	TAAATGTAAC	3360
25	TGGGTTATGA	TGTAATGCTT	TTGAATGAAT	GGTACCTTTA	TATTGGTCTG	CTTCTTCAAT	3420
	AGTAGCAGTT	ACAAAACGAT	CTAACGCAAT	AAGTACAGAT	TTATATCCTG	GTTCTGTTAC	3480
	AGCATATTCT	CCAGCAATAT	AAAGTTTTCC	GGGTGCTTTG	ACCTGAATCA	TTTTATCTCT	3540
30	TCCTTACTCA	ATTATTTCAA	TTCTGTGGC	AATAATGTCA	CTATCAATAA	TTTGGTTATT	3600
	ATCAAACGTG	GTTAATAATT	TATCTATAAT	CTGTTGCTTG	TTTTTCTTTT	CTACAAGTAT	3660
	TTTCACATTA	GGTCCCGCAT	CCATTGTAAA	ATAACACGGA	TACCCCGCTT	CTCGGCATTC	3720
35	GTGAACAAGC	GCCATGACAT	CATAACTTTC	TTGCACAAGA	TATGTGAACG	GCGGTGTTGA	3780
	TCCTAGATTc	GTGGCATGCA	TACGCAAACC	ATTTTCTTCA	ATTACTTCAC	CAAGGCGTTT	3840
	AAAATCTTTG	TCTTGAATCG	CTGCTTTTGC	TTCAGCTAAA	TCTTCATCAA	TATGATCTAA	3900
40	CCAATATTGA	TAAAACCTTG	ATGTGTTTCG	TGTCAATGAC	ATACCATATC	GACTAGGTAC	3960
	CTTTTTAGAA	TGTTGATTAA	TCACAACAAA	TATCATGGCA	AGGTCATCTT	CAAAATGATT	4020
	CGATTCAAGT	GGAACGGCAT	ATGACGTCTC	ATCACTATAC	CCTTTTTCCC	ATTCTGCAAA	4080
45	TCCACCATAA	ATACTACGCG	ACGCAGAACc	CGAACCAATT	CGCGCCAATC	TCGATAAATC	4140
	CTTATCTGAC	AGCTGCATGT	CTAGCGCTTG	ATTACAAGCT	GCTGCTAAAG	CTGCATATGC	4200
50	GCTTGCCGAT	GAAGCCAACC	CTGCTGCTGT	TGGTACAAAA	TTGTCGCTTT	CAATTTCTGC	4260
	ATACCAATCG	ATGCCAGCTC	TATTTCTGAC	AATATCCATA	TATTTTGAAA	TTTTCTCTAA	4320

55

	AAAAGTGACT TTCGTTTCAG TGTA AAAATTT TTCTAATGTA ACAGATATGC TATTATTTCAT	4440
	TGGAATGATT AGTGCTTCAT CTTTTTTTACC CCAATATTTT ATAAGTGCAA TATTCGTATG	4500
5	TGCACGTGCT TTGCCACTTT TAATCAACGC ATTAACCTCC TAAATTCTCA ATCCAAGTAT	4560
	GTGCTGCACC AGCTTTTTCT ACAGCTTTTA CAATATTTTT CGCTGTTGGT AAATCTTTGG	4620
10	CAAGCAATAA CATACTTCCA CCACGACCAG CGCCAGTAAG TTTTCCAGCA ATCGCACCAT	4680
	TTTCTTTACC AATTTTCATT AATTGTTCTA TTTTATCATG ACTAACTGTC AACGCCTTTA	4740
	AATCCGCATG ACATTCATTA AAAATATCCG CTAAGGCTTC AAAGTTATGA TGTTC AATCA	4800
15	CATCACTCGC ACGTAAAACT AACTTACCGA TATGTTTTAC ATGTGACATG TACTGAGGGT	4860
	CCTCACAAAG TTTATGAACA TCTTCTACTG CTTGCTCTGT TGAACCTTTC ACACCAGTAT	4920
	CTATAACAAC CATATAGCCG TCTAAACTTA ACGTTTTCAA CGTTTCAGCA TGACCTTTTT	4980
20	GGAACCAAAC TGGTTTGCCT GATACAATCG TTTGCGTATC AATACCACTT GGTTTACCAT	5040
	GTGCAATTTG CTCTGCCCAA TTAGCCTTTT CAATGAGTTC TTCTTTCGTT AATGATTTCC	5100
	CTAAAAATC ATAACCTGCA CGAACAAAAG CAACCGCGAC AGCTGCACTC GATCCTAATC	5160
25	CACGTGATGG TGGTAAATTC GTTTGGATCG TTACTGCTAG CGGCTCTGTA ATATTATTTA	5220
	ATTCTACAAA ACGGTTCAAC AAAGACTTAA GATGGTCAGG CGCATCATAT AACATACCAT	5280
	CGTAAACATC GCTTTTAATA GACGAATAGT TCCCGCTCTC TAAGGCTTCT ATTAAAACTT	5340
30	TGATTTTACC TCGGTTAAAC GGTACTGCAA TAGCAGGCTC TCCAAATGTA ACAGCATGTT	5400
	CTCCTATTAA AATAATCTTA CCTGTCGATT CCCCATATCC TTTTCTTGTC ATGTCAATAT	5460
	CACCTTTTAT ATTTATCCTA TACTTGATTC ATTATTTTAA TTTATTAGTA AAAGACATCA	5520
35	TATTCTAAGT TGCATngCAT TCGCGTTAAA TTTCATTGCA GTCTTTATCT CACATTATTC	5580
	ATATTATGTA TAATCTTTAT TTTGAATTTA TATTTGACTT AACTTGATTA GTATAAACT	5640
40	AACTTTCGTT TACTTCAAAG TTTAAATCTT ATCGAGTGAT ATTTTCAGATT CTTTATCTTT	5700
	TTATAAAATA GCCCTACAAT TTATAATTTT CCACCCTAAC TATAATACTA CAAATAATAA	5760
	TTGGAATATA TAGATTTACT ACTAAAGTAT TAGAACATTT CAATAGAAGG TCGTTTCTTT	5820
45	CATAGTCATA CGCATTATAT ATACCCTATT CTCAATCTAT TTAATACGTA AAACATGAAA	5880
	TTTTCTTATT AAATTTATTA TTTCCATCAT ATCATTACTT TTAATTTAAT GATGTTCAAT	5940
	TTAAATATTA GGTCAATAAC ATATTTATGC TTTTATGGA TACTTTCAA AATAACAGCC	6000
50	CCAAACGATA ACTTGAAAGG GGCTGTTAAA TATTTAACTA TTGCATTTGA TCTATCATTT	6060
	TCTTGTTTCT TTCAATCATT TTATCAAAAT ACGTATCGTA TCTTTGCCAT TCTTCTTGAG	6120

55

	TTACATCTTG AACAGTAATC GTTTTGTTAA GCAATGTCTC TAATGAGGCC ATACAAGATG	6240
	GTTCAATTC AGGATATTTA AATTTAGTCA CTTACCTTT TAAAGCATGT TCATAAAATG	6300
5	TTTGCATCAT CAATGCACGT TCTGAACCAG AGCCTTCAAC ACAAAGATAA ATTTGTACAG	6360
	CAATACCGCC TCTAACTCTT CGTTGCGATA TGCCTGCAAA TTTCTTACCA TCGATACTTA	6420
	AGTCAAATTT TCCTGGGCAA TAAGAATGTT CAATTTCCAT CGTATCAATA TCAACATTCT	6480
10	CATTTTCGAA CATTTTGCTA ATTAAGAGGT ACATCACAGT AAACGCTTCA TCAATCGTTG	6540
	TTTCTGTTTG TCCTTTGAAC ATCAGCGATA TATTTAATAC ACCTTGATCT AGAACGACAC	6600
	CTAAGCCACC AGAATTTCTA ACAATGGCAT TATAACCAAT CTCATTCTGT AAATAATCAA	6660
15	TGCCATCTTT TAAAAACGGC AATCTTGAAT CATGAATACC AAGAATAACA GTATGTTGAT	6720
	GAATCCAAGT ACGCACAACA TTATCTGATA TATCTTTGCC CACACTTTCG CAAAATGTAT	6780
20	CATCGAATGC GAAAGATTGC ATAGGTTCTA ATCCAGAAGA ATGATCGATA TATCGCCAGT	6840
	TGACGCCATT AAAATATTTA CTCGCTAAAT CCATCGTTAT TGTAAGGCTT GCGCTGCTGT	6900
	AATAATTGAA AGATTGTATA CATCTTCAAT TGAGCAGCCA CGTGATAAGT CATTTACTGG	6960
25	AGAATTTAAA CCTTGTAATA CTGGACCAAC TGCATCATAT CCACCTAAAC GTTGTGCAAT	7020
	TTTGTAACCA ATATTACCAG CTCTTAAACT TGGGAATACA AAGACATTG CATCACCTTG	7080
	TAATTTAGCA CCTGGCGCTT TTTCTCAGC AACACCTGGT ACAATCGCAG CATCAAATTG	7140
30	GAATTCGCCA TCAATGATTG CTTCTAATTT TtCTTCTTCA GCTTTTTtGTT GTGCTAATTT	7200
	GACAGCTTCT TGAACTTTTG TCACGTCGTC TGATTTAGCA GACCCTTTTG TTGAAAAGCT	7260
	TAACATTGCA ACTTTTGGAT CCATGCCAAA GCTTAATGCT GATTTTGCAC TTTCTACTGC	7320
35	AATTTCTGCA AGTCCTTGTG AATCAAGTTC TGGATTGATT GCACAATCAC CAAAGATGTA	7380
	TTGTTTATCA CCTTTAATCA TAAAGAAGAT ACCTGATGTT CTTGATACAC CTGGTTTCGT	7440
	TTTGATGATT TGTAAGCTG GACGCACAGT GTCGCCTGTT GAATGTGCTG CACCACTAAC	7500
40	TAAACCATCT GCTTTACCAG CATAACAAG CATTGTACCG AAGTAGTTCA CATTGTTTAA	7560
	TAATCTTGT GCTTGTTCTT CAGTCGCTTT ACCTTTACGT CGTTCAACAA ATGATTGAAC	7620
45	TAATTCAGCT TTCAATTCAC TTGTCGAGG ATTAATTAAT TCAATATTAG AAATATCAAG	7680
	ATCAAGTTTT TCGCTAAAG ATTGAACCTT AGTCTCATCA CCTAACACGA TTGGTGTAAC	7740
	ATAATCTGTT GCTTGTAATT GTGTTGCAGC TGTTAGAACA CGTTCGTCCT CTCCTTCAGG	7800
50	TAATACGATT TTAACGTTTT TACCAGAAAG TTTGTCTTTT AATACATTTA ATAAATCAGC	7860
	CATAATGTCC TCCTGTAATA TAAATCTTAT TAATCATTCA CGGTATAATT ATACGCCATT	7920

55

TATGATAAAA TTTATAAAGA ACTGATGATT TTTGAAAAGG AGCGATAAAC ATGAGTCAAG 8040  
 CAGCCGAAAC ATTAGATGGT TGGTATAGTC TACATTTATT TTATGCAGTT GATTGGGCAT 8100  
 5 CATTACGTAT AGTTCCAAAG GACGAACGCG ATGCACTTGT CACTGAATTT CAATCAITTT 8160  
 TAGAAAAATAC AGCAACTGTA AGATCATCAA AATCTGGTGA TCAAGCTATT TATAATATAA 8220  
 CTGGTCAAAA AGCAGATTTG TTATTATGGT TCTTACGTCC TGAAATGAAG TCTTTAAATC 8280  
 10 ATATTGAAAA TGAATTTAAC AAATTGCGCA TTGCTGACTT CCTAATCCCT ACATATTCAT 8340  
 ATGTATCAGT CATTGAATTG AGCAATTATT TAGCTGGTAA ATCTGATGAA GATCCTTATG 8400  
 AGAACCCCTCA TATCAAAGCA AGATTATACC CAGAATTACC ACATTCTGAT TATATTTGTT 8460  
 15 TCTATCCAAT GAACAAACGT CGTAATGAAA CTTATAACTG GTACATGTTA ACTATGGAAG 8520  
 AACGCCAAAA ATTAATGTAT GACCATGGTA TGATTGGTAG AAAATATGCT GGCAAAATCA 8580  
 AACAAATTTAT TACTGGTTCT GTAGGGTTTG ATGATTTCTGA ATGGGGCGTA ACATTGTTCT 8640  
 20 CAGATGACGT ATTACAATTC AAAAAATTG TATACGAAAT GCGCTTTGAT GAAACAACAG 8700  
 CACGATACGG TGAATTCGGT AGTTTCTTTG TAGGACATAT TATTAACACA AACGAATTCG 8760  
 25 ATCAATTCTT TCGGATTTCT TAATACATTG GTACGTTTAT AAATTAATAA AAAAATTCOA 8820  
 AGCTTATCGG TTTAAGCTTG GAATTTTTCG TTTATCTTCA GTATATTCCC GTATACATAA 8880  
 GACGTGATTT GGTAAATAGT TGAAATCTGT ATGTTTAAAC TTATATATAT GTGCTAATGT 8940  
 30 ATTATCAATA ACAAAGtACA CTTTGCTCAT AGCAAgTsac CCGAgTAGTC TTCCTTGGA 9000  
 GAACTTTAAC TACTATCACT ACATATAAAC GTTAACCTCA ATAGAAATTA TACAGTCGCT 9060  
 ACTCTATACA ATTTTGTAA TGGTTAACTA ATATTATTTT AACCTATTTG AAATATTTGA 9120  
 35 AACATATTTT TGTCGAATTT TTTTCAATAA TTTTTCCTTT TTATACTTCA AGAGAATTTT 9180  
 AACTACTAAA AATTCCGATG ATTATTATTA CAATAGTATC AAATATTAGT TTTTAAAAT 9240  
 CAATAACAAC TTATCAAAAA GCTCATGTGG TTATTTTATA GTGTATAAAC TATAATGAGT 9300  
 40 ATTAAATTCT TATAAACAAT GGTGATGAAA TGGACATAAA TTCAGAAGAA TACAAACAAG 9360  
 AGGTACTTAT CAAAGACGTT GTCATGCTTG CTGCTCGCAT ACTATTAGAA TCTGGTGCAG 9420  
 AAGGTACGCG TGTAAGAT ACCATGACAC GTATTGCAA AAAACTTGGT TACAGTGAAA 9480  
 45 GTAACAGCTT TGTTACAAAC ACTGTCATCC AGTTTACGTT ACATTGCGAA TCGTTTCCTA 9540  
 GAATATTTAG AATTACCTCT CGAGATACAA ACTTAATAAA AATTTCTCAA GCTAATAAAA 9600  
 50 TTTGCGTCA AATTACAAAC AATGAAATTT CTTTAGCCGA AGCAAAAACG CAACTTGAAA 9660  
 AAATATATGT TGCTAAGCGT GACAGCAGTC TTCCCTTTAA AGGTTTTGCT GCAGCAATGA 9720

55

TAGCAGGTAG TCTAGGATAC CTAGTCACTG AGATTTTAGA TCGTAAGTwa CACGCACAGT 9840  
 TTATCCCAGA ATTCaTTGGT TCaTTAGTTA tTGGGATTAT CGCCGTTATT GGACATACAC 9900  
 5 TTATTCCAAC AGGTGACTTG GCAACTATTA TCATTGCGGC AGTCATGCCT ATTGTTCCCTG 9960  
 GTGTATTAAT AACAAACGCA ATACAAGATT TATTTGGTGG ACACATGTTG ATGTTCACAA 10020  
 CGAAATCATT AGAAGCATTG GTTTnGCGTT TGGCATCGGT GCTGGCGTTG GTAGCGTATT 10080  
 10 AATTTTAGTA TAGGAGTATC AGACTATGTT TTGGATCTTA AACTTTATCT TTAGCTTTTTT 10140  
 AGCTTC 10146

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 244:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2022 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 244:

25 ATTTAATTGG TTGGTGGCGT ATTCTChTTT CCAAGATTTG CCACGATTGG ATGTTcAGTC 60  
 GACAAATATG TAACCAGTCC CGATAAATTA CGTTCCTCAA TCATTGATAG TATGTCTGGT 120  
 GTTTGTAAACG ATTTATCGAG TAAGGCATCA AGCAATTGAT AATGTCCCAA TACAACAAAA 180  
 30 TGCACGTTGT CTCTCAACTG CTGTTGAATA AACTGAATAA AGAGCTTTAA GCTCTGTTGC 240  
 ACATTCGCTA ATGATGGTGC ATAGTTTTTC AAACCAACTT GTACAGCCGC TTCATTATTC 300  
 CGAATGATTA AACCTGTGTA TGCCACTTTT GTTGCTGCAG TTGGATACAT TGAGTAATAA 360  
 35 CGCAATAATT GATCTGTAAA ATCATTTCTGA AGTGCATAAA TTTGATGCTC ATGTTGCCAA 420  
 AAAT<sup>5</sup>TCGCT CACCCATCTG CTgCAAATCC TCATGGTTCA ATTGTTTCCA GTCCAACTTT 480  
 TCAA<sup>5</sup>CACAC TAA<sup>5</sup>AATCAAC TAACTCATAA TCCGCTTTAT TAA<sup>5</sup>AATATTT TAA<sup>5</sup>AATGCT 540  
 40 GTTTCCGATT CTTTAAACGC AATTAATTGT TCTGnATTAT TCACTCGACC ACCCTTTACT 600  
 TTCAATACTG TATTTAA<sup>5</sup>AAT CACTTGGTAT TTTGTTGTT TGCTTTACTT CTCTACCACG 660  
 CTAAAGTGTA ATATGATTAA TAACTTATCA TTTT<sup>5</sup>TAGCAA TACATTACAA CCTTTTTCAG 720  
 45 AAAATTCGGT GTATTGATTT TAA<sup>5</sup>AATTTT TAA<sup>5</sup>AATAnAA AAGGCAAGAC ATTTGTGCCT 780  
 ATAA<sup>5</sup>AATGC TTAACCAAGA TTTT<sup>5</sup>TATATT GaAGTTGTAC TTCTTGCA<sup>5</sup>CA TATTGTCTTT 840  
 50 GCCTTAATTAT GTAAAGTTAT TTTCTTTCTA TCTTTT<sup>5</sup>IATT AAATTTAACT ATTCTTCATA 900  
 ATCCCGATTc CCTTTAAAGT AACGTCTATC TTGTTTACTA TATACATTTT CAGGATTAAA 960

	TTGGTAAACG TTCGTTGCTG ATATATCTGT AAAATTGTTT GGACCGACAC CTGCAATAAA	1080
	CTTAAACTCT GCTTCATCTA CCAAATAATC ATACGCTTGT GTATGTCTAT CCTGTGCGCC	1140
5	ATGTGGAAAT ACAAACATAT CTGTTTTACC TACAATTGGT TCAACTTCAT CTTTCCATCT	1200
	TTTAGTATCA CGTTTAATAC CTTCTAAAGA TGTTTTTCA AAATTAATGT GACCATATGA	1260
10	ATGACTCGCA AATGACCATC CATCCGTTT CATGCGCGA ACAACTTCCT CAGCTGCCTT	1320
	TTTATTCITT GTATAATCTT TACTCGTTAA TTCATTCTGT CGATAACCTA ATACGCCCTC	1380
	ATAACCGGTT AAAGCAACAA CACCTTTTTT ACCATTTAAA GAAAAATCTG GATGCTCTTT	1440
15	TACAAATTTA TTTAAATTG GCACGATATC ATTGTCATCA GAATAAGTAG CATGGCCTTT	1500
	TTTGTCGTGA GTTTCAGAAA CAACATGTTT ATTTTTATCG AGTACTAAAC GGTCAGCATA	1560
	ACCATGGTGT CTCATGTAAC TATAGTAATT CATATCATCA ATTGAGATGA TTAGTGGCTT	1620
20	TTTACCTTTC GGCAATTTTA TTTTTTGGC TTTTACATGA TGAGATGATA AGTCGTATAC	1680
	ATCATGTGGA TTAACGATGA TGTAATTATT TTTATATAAT TCGTTCATG ATTTTTTAAA	1740
	TTCACTTACA GTAATCATCC AATCATTGTT GCCCTTAGCT TGGTGTGTAT CTCCTGTAAA	1800
25	CGCAACTTTT GGGTCTGTAA TTAATGGGTG ATAAAACACA TGATAAACTT GGCCGTGATA	1860
	TGTTTCCCAA TGTCATCCA TTTTCGATTT aTGCTTTGCA TACTCATTTG GATTAACAGA	1920
	TTTATTkTGA GCTTCTCAT TTTGCTTGA ACAGCTATAT mACAATGCAA CTGATAATAA	1980
30	CAGAAAAAAT AGCAATAAAT ATTTTTTATG CATTAAACAT TC	2022

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 245:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1340 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 245:

	ATAGAGTGAT AAAGGATGGT TGTCATATGA TAAATGCAGT AGTAATAGCA GTAATTTTAA	60
45	TGATTGTGCT ATGTTTATGT CGATTAAACG TnTTATTAAG CTTATTTATC AGTGCGCTAG	120
	TTGGTGGCTT AATTTAGGC ATGAGCATTG AAAAAGTTAT AAATGTATTT GGGAAAAATA	180
	TAGTCGATGG TGCTGAGGTA GCATTAAGCT ATGCTTTATT AGGTGGATTT GCAGCATTAA	240
50	TTTCATACAG TGGTATCACA GACTATTTAG TAGGAAAAAT TATAAATGCA ATTCACGCTG	300
	AAAATAGTCG ATGGTCAAGA GTTAAAGTCA AAGTGACAAT AATCATTGCA TTATTAGCTA	360

CACCATTGTT AAGTCTGTTT AATGACTTAA AAATAGATAG ACGTTTAATC GGTTCGATTA 480  
 TCGGTTTTGG TTTATGTTTC CCGTATGTGT TATTACCATA TGGATTCGGT CAAATTTTCC 540  
 5 AGCAAATTAT TCAAAGTGGC TTGCAAAGG CAAATCACCC AATTGAGTTT AATATGATTT 600  
 GGAAAGCAAT GCTTATTCCT TCAATGGGGT ATATTGTTGG CTTACTTATC GGTTCATATG 660  
 TATATCGTAA ACCACGTGAA TATGAAACAC GTAAAATTTT AGATAGTGAC AATGTTACAG 720  
 10 AGTTAAAACC ATATATCTTA ATAGTAACAA TTGTAGCAAT ACTAGCTACA TTTTATAGTAC 780  
 AAACATTTAC AGATTCAATG ATTTTGGTG CACTGGCAGG GGTACTCGTA TTCTTTATTT 840  
 CACGTGCATA TAATTGGTAT GAATTAGATG CTAAGTTTGT TGAAGGTATT AAAATTATGG 900  
 15 CTTATATTGG TGTAGTTATT TTAACAGCAA ATGGATTTCG TGGTGTAATG AATGCTACTG 960  
 GTGATATAGA TGAATTAGTT AAAACTTTAA CAAGTATTAC TGGTGATAAT AAATTATTTA 1020  
 GCATTATCAT GATGTATGTG ATAGGTTTAA TTGTCACTTT AGGTATTGGA TCATCATTTG 1080  
 20 CAACAATTCC TATTATCGCA TCATTATTCA TTCCTTTTGG AGCGTCAATT GGAAGTAGATA 1140  
 CAATGGCATT AATCGCATTG ATTGGAACAG CGAGTGCATT AGGTGACTCA GGTTCGCCTG 1200  
 25 CAAGTGATTC AACATTAGGA CCAACTGCGG GATTAAATGT TGATGGCCAm CATGATCATA 1260  
 TACGTGATAC ATGTGTACCA AACTTCTTGT TTTATAATAT TCCTTTAAAT GATTTTCGGT 1320  
 ACTATTGCTG CTATGGTACT 1340

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 246:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3365 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 246:

40 CAAAATCTAA GAGAATAAaA TTTGTTAATT TnAAATAGCA AGCAATTCAA AGTTATATGT 60  
 GTAATAGATA AAATAGATAT CCCTATAGTG ATGCGTTACT AGCTAAACAT AATAACACAT 120  
 TAGAAGATAA TGAAGTTAAG GAGTTACTGG ATTGTTTCGA CTATGTAATT AAGTATAAAA 180  
 45 ATATCCAACG ACAAACGTA ATTATAAAAT GGTAAAAGCT ATGGTACAGT TTCAAATTGC 240  
 TAATGACATG CGTATCGGTG AGCTACTTGC AATAAAGAGA GTAAATATAA ACTATGAAGA 300  
 TAAAACGCTA GATATCGACG GTAAAGTTAA TTGGATAACT GAAAAAGAC GGGAGCATTC 360  
 50 GGAGTAAAGG AGACAACTGA AAGAAGTAAT AGCTATAAGG CCACAGGGCT CACTACCCAA 420

55

TATTCACAAA TACGTCTGGT AGCCCTATCG ACTCGAACAA AATTAGCCAC ATTATTAAAG 540  
 GGGGGCGCTG ATATTAGTTC TATTAAGAAA CCTATAACGA CGCATACATT ACATCATTG 600  
 5 CATATATCTA CACTTGCTCA ATTAGGAATT AACTTAAAAG CAATGCAAGA GCATGTAGGT 660  
 CATTGAGATT ATAAAArAAA TCTAGAGATA TACACACATG TTAATAATCA GATGGCGAAA 720  
 10 GATATGATGA ATAAATTTGA ACGATTGGGG AGTTAAAATT GGAAAAAGAT GaTACACTAG 780  
 CAGAAATTAA GCCTATGCTC AATTTTGATG AGCAAATAGC AAAATTAAAA CAGATGAATA 840  
 TATTTTTTAA TATTATTGAC ACCGAAAAAG CAAATGAAAT TCTTAGAAAA AATAATTACT 900  
 15 TCTTCAAAC T wGcTTATTTC CGaAAAAATT TCGrAAAAAA GaATGGCGGC TATTTTCATAG 960  
 AATTTGCTTA TTTATCAGAT TTAGCAACTA TAGATATGaA ATTAAGATAC ACAATGTTGC 1020  
 ATTTAACTTT AGATATTGAA CATAGTTTAA AGTATCTAGT CTTAAAACTA ATAACAGAAA 1080  
 20 ATAACCAAGA AGATGGTTAT AAAATAATAG ATGAGTTCTT ATGTATTGaT AAATCATATA 1140  
 GCAATTCAAA TTTTGACACA AATTCAAGAA CACCAGAAGA AGTTATGGAA ACCAAAATCA 1200  
 AAAATAAAAA CGAAATATTC AAGCATATGA ATAAACGAGG ACAACTACCC GAGAAGTTGa 1260  
 25 ATAAATACTA TCmAAATCCA CCCGcnnGGk TTTGCaATTGr ATTCATGCAA CTAGGTCAAT 1320  
 TCGTTTCGTT TCTCAACTTC TATTACAAGA AGTACAATGA CGAAGAATTG AGAGTTGCTA 1380  
 ATATTTTAAAT GCCTTTAGTT AAAAATATAA GAAaCAAATC AGCTCATAAC CAACCCATCA 1440  
 30 TAGCAAATCT AAATTATGAC AGTAGATTAC CTCAATATTT ATTTGAAAAA GGGAATAATA 1500  
 TAGGCATATC TAGAAACATG TTCGGAATAA AAAATTTTCAT AGATACTkTC kSTACGCTAG 1560  
 AATTACATAA TCAAGTTTGT AGTAATGCAA TTATCCAAGC AAGATATCAC GATTTGGACC 1620  
 35 AACTTCAAAA GCGATATAAA AGrAACGrAA GCTATTATAA TAATGCATTA GCTATCAAAA 1680  
 GATTfTTTAT AGCTTTAGAT AAAATTATTG ACTTCAACAG ACCAAAAGTA TAACTATCT 1740  
 AGTGAGGAAA GAGACTTATA GGTCTCGCGA GTTATTTTAA TTCGTATGCA AGAAAAAGAA 1800  
 40 GAGCTATGCA TTTTATTTAA AATGCGTAGT TCTTtTTT TAATCTATAA TTCATATTAT 1860  
 TTTTGCAATA TAAACATATC TTTGTGCAAA TTCCGAACAC AAAACATTCA CATCATCCTT 1920  
 45 TTTtGCCCTT TTTCTATACC CCAAAACACA AAAAGCCCCG TAAGCCTATG CcTACGGGgT 1980  
 TTGACAATAA ATTATATATT ATTGTTCTTC TTAAACATAT GGTAATAATG CCATATGACG 2040  
 AGAACGTTTG ATAGCTGTAG TCAaCATACG TTGATATTTA GCTGAAGTAC CAGTTACACG 2100  
 50 ACGTGGTAAA ATTTTACCGC GTTCTGAGAT AAAACGTTTT AATAATTCAG TGTCTTTGTA 2160  
 GTCGATATGT GTAATACCAT TTGCTGTGAA ATAGCATACT TTTTtACGAC GACGTCCGCC 2220

55

CGTTAATTTT TATTAGAATG GTAAGTCATC ATCACTTATA TCAATCGGTC CGTTTGCATT 2340  
 TGCAAATGGA TTATCAGATT GTTTCGTGTT TGATGAATTA TTGTACGAAT TGTTTTGTCC 2400  
 5 TGATTGTTGA CCACCGAATC CTTGACCGTA ATCTTGAAT TCATTTTGTT GACGTTGGCC 2460  
 ACCATTTTGT TGCGCATTTT TAGGTTCAAG GAATTGAACG CTATCACACA CAACTTCAGT 2520  
 AACAAACACA CGACGACCTT CTTGATTTTC ATAATTACGG GATTGTAAGC GACCATCTAC 2580  
 10 ACCAGCTAAA CTACCTTTAG ATAAATAGTT ATTTACATTA TCTGCTTGTC TTCTAAAAAC 2640  
 AACACAGTTA ATAAATctG ctTCGCGCTC CCCTTGAGCA TTCGTGAACG TACGATTTAC 2700  
 TGCAAGAGTG AATGtCGCTA CACTCACACC TGAGGGAGTG GTTCTGTATT CCGGATCTTT 2760  
 15 CGTTAAACGA CCTACTAATA CAACTCTATT TAGCATTTAA ACGCCCCCTC TAATTATTAC 2820  
 TTGTCTTCGT CTTACGAAT AACCATGTAA CGAATGATAT CGTCACTGAT TTTAGCTAGA 2880  
 CGTTGGAATT CGTCAGTAGC TTTGTTGTTA TCAGATTTAA CACGTACGAT GTTGTAGAAG 2940  
 20 CCATCTTTGA AATCATTGAT TTCATAAGCT AGGCGACGTT TACCCAGTC TTTTGCTTCT 3000  
 AAAACTTCTG CACCTTCAGT AGCTAAGATA CCGTTGAAAC GTTCAACTAA CGCTTTTTTA 3060  
 GCATCTTCCT CAATGTTTGG GCGTACGATG TACATAACTT CATATGTTCT CATTTTATAT 3120  
 25 TTGCACCTCC TTGTGGTCTA TACGGCTTAT CAATCTTAAA ACAGATAAGC AAGGaATAAT 3180  
 TTTCAITACT CACAATAAAG AATTaTATCA TGCGCCATTA CTTTTTACAA TaATAATTcA 3240  
 30 AACTACTCTT CATATCATTT TTGATATtAA TTCATTTGaA ACTTTChATG ATATTTTnAA 3300  
 AAATACACTT CACAAAAGCG AACATATGTn CTATAAnAGT TGTGAGGTGG TAAGGAATGA 3360  
 ATTTA 3365

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1032 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 247:

GTAAAAAGTA ATTGGTGGTA TTGATGATGA TTTTACAGCC AATGTTATGC ATCCAAATCA 60  
 ATATCGAATT CGATATTCGT CTCAGAAACA GGACCTTAAT GAAGATATGA CAGTTTTTGA 120  
 50 TGCAGTATTA AGTTCTGATA CAACAACTTT ACGCATCATC AAGCAATATG AGCAGGCAGT 180  
 ACAAGCTTAT GCGGATGACC AAAGTGATAA ATTGTTCAAG CGAATGATGG ATGCGCAAGA 240

55

ACTAGGTATA CATGATACTA CTAAATACAT TAAAGAATTA TCCGGCGGAC AACAAAAACG 360  
 TGTTGTACTT GCTAAACAT TAATAGAACA ACCAGATTTA TTGTTATTAG ATGAACCTAC 420  
 5 GAACCATTTA GACTTCGAAT CAATCAGCTG GTTGATCAAT TATGTGAAGC AATATCCTCA 480  
 TACTGTTTTA TTCGTAACCC ATGATCGATA TTTTTTAAAT GAAGTTTCCA CTAGAATTAT 540  
 TGAACTAAAC AGAGGTAAGT TAGCGTCATA TCCTGGTAAC TATGAATCTT ATATTGAAAT 600  
 10 GCGCGCTGAA AGAGAAGTAA CACTTCAAAA GCAACAACAA AAGCAACGAG CTTTATATAA 660  
 GGAAGAACTT GCTTGGATGA GGGCTGGgAG CTaaGGCTCG TACTACAAAG cAACaAGCTA 720  
 GAATTAATCG ATTTAATGAC CTAGaMAATG AAGTTaACCA GCAATATAAA GACGATAAAG 780  
 15 GTGAATTGAA TCTTGCTTAT TCaAGATTAG GTAAGCAAGT GTTCGAATTA GAAGACTTAT 840  
 CAAAGGCTAT TAATGATAAA GTATTATTTG AACATCTGAC GGAAATTATT CAAAaGGTG 900  
 20 AGCGTATTGG TGTGTGTGGG CCAaATGGAG CTGGTAAaAC AACACTCTTA AATATTTTGA 960  
 GTGGAGAAGA CCAACAATTC GAAGGTAAAT TGAAGACTGG GCAGACGGTT AAAGTAGCTT 1020  
 ATTTTAAGCA AA 1032

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 248:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 852 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 248:

35 TGTGATTAC GAAGCTTATT TTCGTACACC TTCAACAACT GATTACAACG GCGTTTATCA 60  
 AGGTfATTAT ATTGATTTTG AAGCAAAGGA AACTAAAAAC AAGACGTCCT TTCCTTTAAA 120  
 40 TAATATTCAT GACCATCAAG TCGAACATAT GAAAAATGCA TATCAACAAA AAGGTATTGT 180  
 GTTTTTAATG ATTCGTTTTA AAACGCTAGA TGAAGTTTAT CTTTTACCCT ATTCAAAATT 240  
 CGAAGTATTT TGGAAGAGAT ATAAAGATAA TATTAAAAAG TCTATAACAG TTGATGAAAT 300  
 45 ACGAAAAAT GGTTACCATA TTCCTTATCA GTATCAACCA AGATTAGACT ATCTAAAAGC 360  
 AGTTGATAAG TTGATATTAG ATGAAAGTGA GGACCGCGTA TGACGGAAAA CAAAGGATCT 420  
 TCTCAGCCTA AGAAAAACGG TAATAATGGT GGGAAATCCA ACTCAAAAAA GAATAGAAAT 480  
 50 GTGAAGAGAA CGATTATTAA GATTATTGGC TTCATGATTA TTGCATTTTT CGTTGTTCTT 540  
 TTACTAGGTA TCTTATTGTT TGCTTATTAT GCTTGAAAG CACCTGCTTT TACCGAAGCT 600

TTAGATAATG GCCAAAGACA TGAGCATGTA AATTTAAAAG ACGTGCCGAA ATCAATGAAA 720  
 GACGCAGTAC TTGCAACTGA AGACAATCGT TTCTACGAAC ATGGCGCACT TGATTATAAA 780  
 5 CGTTTATTCG GTGCAATTGG TAAGAACTTG ACTGGTGGAT TTGGkTctGA AGGtGCCTCA 840  
 ACATTAACAC AA 852

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 249:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5804 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 249:

20 CACTTTTTTC ATTAAAAATC TCATATTTAT AACTGAACG TAATCTCGAA TATTTTTCAA 60  
 CCCAAGTTTT AACTTTAACT TTTTCTGGAT AAAAAATAGA CTTTTTATAA TTGACATTGA 120  
 GGTCAGTCAC AGGTGAAATG ATTCTTGTGTT TTTCATATC AGCATAACTA AAACCTAACT 180  
 25 TCGATATATA ATCCAACCGC GCAACTTCAA ACCAAGTTGC ATAATCCCCG TGATAAATTA 240  
 CACCCATCTT ATCAGTTTCA GCATAACGCG CTTCTATTTT TGTAATACTA TATATCATTT 300  
 TAAGCCTTCT TTCAGTTTAA CTTTATATCT CATTCTAACA TAAAATACAA GAAGAGGCCG 360  
 30 GCCAAGAACA CAAAGGkTTT GAACCGACCT ATTATATCAT AAaGTTTATA GAAGTATTTT 420  
 TGAGCACTAT CAAAGTGCCT CAAATACCGA TTAAAATTTT ACTGTGATAT CTATTTTTTA 480  
 TTGCGCTAAT TTATTTCTTA AAACCATTG TAAAATTCCA CCGTGACGAT AGTAATCCAT 540  
 35 TTCAACAAGT GAGTCAAAAC GAACCATAGC GTCAAATTCT ACCAAATCAC CATCTTGCTT 600  
 CTTAGCAGTA ACTTTGACGT AGtCATGTGG TTGAACATTT TCATCAATAT TAACAGrAAT 660  
 TTCTTCTGTA CCATCTAGAC CAAGAGAATC AGCTGATTCA CCTTTTTTAA ACTCTAATGG 720  
 40 TAATACACCC ATCATAACTA AATTTGAACG ATGGATACGT TCATAACTTT GTGCAATAAC 780  
 TGTTTTAACA CCTAATAAGT TTGTACCTTT TGCTGCCCAG TCACGAGATG AACCCTAACC 840  
 45 ATAATCGTTA CCAGCTAATA CAACTAAACC TGTACCATCT TCTTTATATT TCATTGCAGC 900  
 ATCAAAGATA GGCATTACTT CATTTGTTGG CCAATAAGTT GTAAAACCAC CTTCAGTACC 960  
 TGGCGCTAAT TGGTTTTTAA TACGTATATT AGCAAACGTA CCTCGAACCA TTACTTCGTG 1020  
 50 ATTACCACGT CTTGAACCAT ATGAATTAAA TTCACGAATA GGCACCTGAT GATCTTGTA 1080  
 ATATTTACCA GCTGGCGTAT CTTTACCAAT TGCACCTGCT GGAGAGATGT GGTCAGTTGT 1140

	TTCTTTAGAT AATCCTTGA AGAATGATGG ATTTTGAATG TATGTTGAAT TAGGATCAAA	1260
	GTCATATAGA GGTGATCAG TTACATCAAT CTCATTCCAT AATTCGTTGT TATTGTATAC	1320
5	GTTATTATAT TCTTCAATAA ATAATTCAGG TGTTACAACA CTATCAACGG TATCTGAAAC	1380
	TTCTTTAATT GATGGCCAAA TATCTTTCAA ATATACATCT TCACCGTCAT TACCTTTACC	1440
10	AATAGGTTCA TTTTGTAAT CAATATCAAC CGTTCAGCT AATGCATAAG CAACAATAA	1500
	CTGTGGTGAA GCTAGGTAAT TGGCTTTAAC AAGAGGATGG ATACGACCTT CAAAGTTACG	1560
	GTTACCAGAT AATACAGATG TACTAATAG GTCCTCATCA GCAATCGCTT TTTCAATTTT	1620
15	TGGTAATAAA GGACCTGAAT TACCGATACA AGTTGTACAT CCATAACCAA CCAAGTTGAA	1680
	GCCTAAATCA TCTAAATAAG GTTGTAAGCC AGCATCTCTT AAATATCCGG TAACAACCTT	1740
	TGATCCTGGT GCTAGAGAAG TTTTAACGTA TTCAGGAACT TTCAAGCCTT TTTCAACTGC	1800
20	TTTTTTAGCA ACTAAACCTG CACCTAACAT TACATAAGGG TTAGATGTAT TTGTACATGA	1860
	TGTAATTGCT GCTATTGCAA TATCACCTGT TTTCAATTGA GCTTTTGATC CATCTTTAAA	1920
	GTAAATTCA GCTTTCTTAT CAAATTCAT TTTATCTAAA CCGTGTCTT GGTGCTGCTG	1980
25	TGGAGCTGTT ACAGAAATTT CAAATGATGA TTTCATATCA CTTAAGAAAA TTAAATCTTG	2040
	AGGACGTTTT GGTCCTGAAA GCGATGCTTC AACTGTTGAT AAATCCAATT CGATAACATC	2100
	TGTATAATTA GGATCTTCTT TCTCAACATC AAAGAACATA TGGTTTTGTT TCAAATATTC	2160
30	TTTTACTAGC GCGATATGTT CGTCTGATCT ACCAGTTAAC TTCATATATT TAAGAGATTC	2220
	ATCATCAACT GGAAGAATC CGCAAGTTGC TCCATACTCT GGTGCCATGT TTGCAATTGT	2280
	AGCACGGTCT GCTAGTGGTA AATGTTGTAC ACCTGGACCA AAGAACTCCA CAAATTTACC	2340
35	AACAACACCT TTTTACGTA GCTCTTGAGT TACTCTTAAC GCTAAATCAG TTGCTGTTGC	2400
	GCTTGTGGT AATGAATTTA CTAGTCGTAC ACCAATAACC TCTGGAATTG GGAAATAAGA	2460
40	AGGTGTCCA AGCATTCCAG CTTGAGCTTC AATACCACCA ACACCCCATC CTAGTACGCC	2520
	AATACCATT ATCATTGTTG TATGTGAATC AGTACCAACT AATGTATCTG GAAATGCAGT	2580
	TTTTTCACCA TCTACATCAC GAACATGTAC AACACTTGCT AAATATTCTA AGTTAACTTG	2640
45	GTGAATATT CCAGTTGCAG GAGGAACTGC ATTGTAATTA TCAAATGCTT TCGTTGCCCA	2700
	ATTTAAAAAC TGATAACGTT CATAGTTACG TTCAAATCTT AATTTTATAT TACGTTCAAG	2760
	AGCTTCTGGA TTTGCATAGC TATCCACTTG AACTGAGTGG TCAATAACTA AATCCACCGG	2820
50	TACTTCTGGA TTAATTTTAT TAATATCTCC CCAACGTCA TCCATTGCTT TACGTAAAGA	2880
	AGCTAAATCA ACTACGGCTG GTACACCTGT GAAATCTTGT AAAATAACAC GAGAAGGTTT	2940

55

	GTCTGTAATT	ACAAAATCAT	CTTCTTGACG	AAGTAAAGAT	TCTAACAAAA	CACGAATTGA	3060
	ATAAGGTAAA	TTGGAACTT	TAGTAATACC	TTGCTCTTCT	ACAGCTTTTA	AATCATAGTA	3120
5	AGTATAACTT	TGGCCATTCA	AGTCAAAATG	TTTTTTTGAT	TGCTCTTTAA	AATTTGCAGC	3180
	CATTTAATGA	TCCCCCTTGA	TACATTTTTTA	TATTTATATG	CCTTGATTAA	ATTGTATTAT	3240
	TATATTTATT	GATAACAAC	TCATCATGCT	TAGAAAACGC	TTAATTTAGG	TTTTGACTTT	3300
10	TTAATCAGAG	TATATAAGCA	AAACTTATCA	TACAGGTAAG	GTGTAATAAG	TATTTTTTAT	3360
	TAATTGAGAA	TAATTATCAA	TTTCGCGAAT	GATTCAATTC	AATTTTAAA	CGTATTATTT	3420
	CATTGAGCAG	AAAGAAAATT	ATGGCACCAA	ACTTTAATAT	TTTTTTCAAT	GTCATTCTTT	3480
15	TGATGGGAGT	GGGACAGAAA	TGATATTTTC	GCAAAATTTA	TTTCGTCGTC	CCACCCCAAC	3540
	TTGCATTGTC	TGTAGAAATT	GGGAATCCAA	TTTCTCTTTG	TTGGGGCCCA	TCCCCAACTT	3600
	GCACATTATT	GTAAGCTGAC	TTTTCGTCAG	CTTCTGTGTT	GGGGCCCTCA	CCCCAACTCG	3660
20	CATTGCCTGT	AGAATTTCTT	TTCGAAATTC	TCTGTGTTGG	GGCCCTGAC	TAGAATTGAA	3720
	AAAAGCTTGT	TACAAGCGCA	TTTTCGTTCA	GTCAACTACT	GCCAATATAA	CTTCGTAGAG	3780
	CATAGAATAT	TGATTTATGT	CCCAGCCTGA	GTAAATTTTC	TATAAAAGTA	TATTTAATTT	3840
25	GCGTTTATAC	CGTCAAACCT	CACTTTAGCT	TTGTCAAACC	CCTTTCTATT	AAGTTTTTCAG	3900
	AAATAAACCT	ATCTTAAAAT	ATAAAAAAAT	CGAGAATTCG	TAGTTTAATA	ACGAAATTCT	3960
	CGTTCTTATC	CTTTTGAATA	TACTCAATTT	TCCACAAAAA	CAAACAAGTA	GTATATCTGT	4020
30	TCTAGCTACT	AGAATGACAT	ACTACTTGTT	ATTAAAATAC	TTAACTAAAC	TTTATTAGTT	4080
	ATCTTTTTTC	TCTATATTTT	TACGTGACTG	ACGCTTTTCA	AGAATGTCAG	ATTCATAATC	4140
35	TTCTTGTTGA	CTCTTGATAT	ATTCTTGTA	GCGATGTTTA	TTCGGAGTCA	ATGTTAAACC	4200
	TAGGAAATTA	CGTTCCTGGT	TCGCATCCTT	GTAAGAACTT	ACCATCATGA	GTATGACGAC	4260
	AAAGGAGAAT	GGGAATGCAC	TTATAATTGC	AGCACTTTGA	ATCGCATTTA	AAGCTTCAGC	4320
40	GCCGTTACCG	CCACCAGCTA	ATAAAAGTAC	AAATGCTATT	AAGGCCTGTG	AAATCCCCCA	4380
	AACAACTTTT	ACCATACTAG	ATGGATTTAA	TGAACCAAAT	GTTGTTTGCA	TTCCTAATAC	4440
	AAATGTTGCT	GAGTCAGCAG	ATGTAATAAA	GAATGATGCA	ATTAATAATA	ATGCAATCAA	4500
45	CGATAAAACA	ATGCCAAATG	GCACATGATT	AAACACTCCA	AATAGCTGTG	TTTCAGGAGT	4560
	CATATCAAAA	ATTTCTTTGT	GTTTCTTACC	TGTCTCGATG	CCTAATACAC	CAAAGACACT	4620
	AAACCAAAACA	AAACTAACAA	TTGCTGGAAC	TAGCAAGACA	CCAGAAATGA	ACTCTCTAAT	4680
50	TGAACGTCCT	TTTGAAACTC	GTGCAATAAA	CACTCCAACG	AATGGACTCC	AACTTAACCA	4740

55

TGCTGTATCA AAACCTATTAA ACAAGAATGT GTTTAGTAAA CTACCCGTAG AGCTAGTTAA 4860  
 CATATTTAAA ATAAGAACAG TTGGTCCAAC AATTAAAGCA GCTACCATTA AAATAGTACC 4920  
 5 TAAACCAATG TTCAAGTTAC TTAAGTATTG AATACCTTTA CTTAATCCAG ACCATGCACT 4980  
 TGCTATAAAT AAGATAGTAA CAACAATGAT GATAATCGCT TGTACAAACG TATTGTTTGG 5040  
 AACATTGAAC AAGTAATGTA AACCACCATT AATTTGTAGA GCACCCATAC CTAACGAAAC 5100  
 10 GGCTACCCCA ACGATTGTCG CAAATACAGA TAAAACGTCA ATAAAAATCC CAATAGGACC 5160  
 TTCTACTTTA TCACCTAAAA GAGGACGTAA AGTTCTAGAT AATAAACCTG GTTCACCTTT 5220  
 ACGGAATTGC GAATATGCCA ACGTAACGCA ACAACACCAT AAACAGCCCA AGCATGGAAT 5280  
 15 CCCCATGGA AAAATGTTGA ACGTAGAGCT TCAGTATAAG CTTAGTAGT TTTGGGATCT 5340  
 GCTGTAGGTG GCGTAGCAAA GTGCGCCATC GGTTCAGCTG CACCATAAAA CACCAAACCT 5400  
 ATCCCCATAC CAGCACTAAA CAACATAGCA AACCATGAAA TTGTATTAAA CTCAGGTTTG 5460  
 TCATTTGGTT TACCTAGTTT AAGTTTCCCA ATAGGACTAA AAATAAGGAA TATACAGAAG 5520  
 AACACGATAA TCGTAGTAAG AATAAGATAA TACCAACCTA ACTTTTCTGT AATCCACATT 5580  
 25 TTAATATTAT TGGTAACATA GTTGAATTGT TCAGGTAAAA ATGCACCAAG TAATACGACT 5640  
 ATAGCAACAA CAATTGCACT ATAGATGAAG ACTGGTGAAT ACTTCTTTCC ATTTGGATTG 5700  
 TCTGGTGAAG AAGAATTCAT AATTAATTAC TCCCTTCAAT TCTATATTTA ATTTTATGTA 5760  
 30 GTAGAATAAA AATATTATCT AAACATTTTA TTCAATAACT CACG 5804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 250:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 250:

ACCCGCGAAT ATGGTCCATC CTATCGATTT ATTTTAACT GGTTCGACAA TATTTAATTT 60  
 45 TTCATAATCA TTCTTAGTGA TTTTGACATA TGTTTTCGGT ATGAGCCAGT TAATAAATGG 120  
 AAAGAAGAAG ACAATCCAAT TACTTGCCAA ATCaATCATT AAATATTCAC TATCGTATTT 180  
 GATTATTGCA TATTAGGGT TTTTATTAAT AACTTTAGAT TCGCAAAGCA ATGTCTCCAC 240  
 50 ATCCCTTTAA TTTTATGTGT AATACATTTT TCGATACTTC AAAAGACATT CAAATACTAT 300  
 CAAGTTACTG TCATCAAAGG TTTTATTAAC TGATATTtTC ATATTTTAAa TCTGAATTTA 360

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 251:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 964 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 251:

```

CCAGGGTGCG GAAAGCTTTA AAATTTGGAC TAATAAAGAT GCTGATATTA ATTCTATGAA      60
AACAGCAGTT TTACAACAAT TAAAGGAGA ATAACATATG CTTACTGGcA AACAAAAAAG      120
ATACTTAAGA AGTTTAGCAC ACAATATTGA TCCGATTTTT CAAATTGGAA AAGGCGGTAT      180
CAACGAAAAT ATGATTAAAC AAATAGATGA TACGTTAGAA AACAGAGAAT TGATTAAAGT      240
ACATGTACTA CAAAATAACT TTGATGATAA AAAAGAATTA GCTGAAACAT TAAGCGAAGC      300
TACTCATAGT GAATTAGTGC AAGTGATTGG ATCTATGATA GTGATTTATA GAGAATCTAA      360
AGATAATAAA GAAATTGAAT TGCCATAATA ATGAAAAAGA TArYACTTTA CGGCGGTCAG      420
TTTAACCCTA TCCATACTGC ACATATGATA GTAGCTAGCG AAGTATTTCA TGAATTACAG      480
CCAGATGAAT TTTATTTTTT ACCTAGTTTT ATGTCTCCAT TGAAAAAGCA CCATGATTTT      540
ATAGACGTTT AGCACAGATT AACAATGATA CAGATGATTA TCGACGAGCT TGGTTTTGGA      600
GATATTTGTG ACGATGAAAT TAAACGTGGT GGTCAAAGTT ATACCTATGA CACGATCAAG      660
GCATTCAAGG AGCAACACAA AGACAGTGAG TTGTACTTTG TTATTGGGAC GGATCAGTAT      720
AACCAACTAG AGAAATGGTA TCAAATTGAA TACTTAAAG AAATGGTTAC TTTTGTAGTT      780
GTAAATCGAG ACAAAAATAG TCAAATGTT GAAATGCTA TGATTGCAAT TCAGATACCT      840
AGGOTAGATA TAAGTTCGAC AATGATTCTGA CAAAGAGTTA GTGAAGGGAA ATCTATCCAA      900
GTTCTTGTTT CTAAATCCGT TGAAACTAT ATTAAGGGGG AAGGATTATA TGAACATTGA      960
AAAA

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 252:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1193 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 252:

TTGTCATGAA ATAAATGGGA TGAATATCAC GACTAGAAGT AATGTTACGA ACAGGAGCGT 120  
 ATAAACTAGA GACGCTAAAT TCGACATAGT ATGThGCTCA ATTATGGCTG ATGATGAATT 180  
 5 TAAAGTATGT GCGTTGGAAC TGTCGGATTT TTGTTTCATAA TGTTTTGCAT ATTGCGCCAT 240  
 GATGAATAGT GTAAAAATAA ATAAAACAAT AAGAGATATA ATGCCCATAA TCAAAAGTAT 300  
 10 TTGTTTAGAG CCTTTCATTA TTTCACATCC TTTCTAAAAT ATATTTGTAA CTAAATTTAA 360  
 AATAGTTATT TTTGTAATTC TAAACCTTTT TCATCGCGAA AACAAATTAA TAGGTCGCGG 420  
 TATTAATTAT TATATTATTA CCGCTTAATA TGAAAAATAC ATGAAaATTA ATTTTCTAAT 480  
 15 ATACTTTTGA AAAATTATTA CAAATTAGCC CCTTCAAAAC GCGAAAACAT AAGGATTCTA 540  
 GTTTCAAAAG GGCTGATAAG CATAAAATGA AATGTAATAT TTCGATGTAT AAAATTTTAA 600  
 ATTAGCTAAA AATCATCGCA TTAATTTTTT GAGCTACATC ATCAAAATTC GGACATTTTA 660  
 20 ACGACACATA TAATTTAATT TTAGGTTTCAG TACCAGAAGG ACGTAAAGCG ATAAATCCTT 720  
 CGTCAAATAA GACACGAATA ACATTTGATT TAGGAGAATT AATCTGCGAC GTTGTATCTT 780  
 TATCCAAATG ATAAACCTCG CTAGTTAAAT AATCTTCAAT TGCTTTCAC TTAGATCCTT 840  
 25 GAATCTCTTG CCGTGGATTT GAACGGAATT TGGTCATTAT TGCATTAATT TTCTTTTTCC 900  
 CTTCAAATCC TTCTAGCGTA TGCGgAATAA TGTATCCTCA TGTCTACCAA CAGTTTGATA 960  
 AATCTGTTCT AATTCATCTT TCAATGTTTT GCCATATAAT TTAACTCAG AAGCGTATTT 1020  
 30 TATAATGAGT GGCACAATTT GTACGGCATC TTTATCACGT ACAAAGGCT CTGATAGAAA 1080  
 ACCGTAATC TCTTCAAATG CGAAAATCAT ATTTGATGAT CATCCAGTTG TCTTATTTCC 1140  
 TGAGCAATAA ATTTAAGCCC GTCAGCACCT CTTTGGTATT CAACATTATT ATA 1193  
 35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 253:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1098 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 253:

TATCAGGATG ATTATGnCGG GGTTTTATTA AGTCTGAGCG TATATnCCCTT TTATTCTCCT 60  
 AAATGGTTTG GAATTCAAGG AGAAGACGAT GAAATGGTAT CCAAAAACCA AnGAATATAT 120  
 50 nGCATTAAGT CTGAGGATGA TAGTGCGGTG GCAATTCGTT CATTAATTTT GCATAAAGAT 180  
 GAACCTATGT ATTTAAAAAA ACGTACATGT GTACCTACTT TGTTAATTAA TGGGGAACAT 240

	AAAAAAATCT TCGAACATTC AGGACATGCA CCGCATATTG AAGAACCAGA AGCATTTATG	360
	AATTATTATT TAAAATTTTT AAAAAGCGTA TCATAATATG TGATATATAA ACCTAGGGCA	420
5	TAAAGTCCTT AGGCAATGTG AAAAAGCTGA TTACTATTCA TTATTTGATA GAAATCAGCT	480
	TTTTTTGAAA TGTATTTGAT ATATACTGCT CGTTATGCGG CTATCTTCCT TATATTAAGT	540
	GCCATTAGTG CAAAACCTCT TAACAATTAG GTAAAAAGAG CATAAAAAAA GGAAGTTTAA	600
10	TAGAATGTAT CATCTATCAA ACTTCACCAA ATTGCGCTAA ACAAATTAT AGTTCAATTT	660
	CGTTGTTTGC TTCAGTGATT CGTTTATTTA CTCGACTCAA TAATGATTCTG ATTTTTTTAC	720
	GTTGTTGTGC ATTAACAAGA ATTAATACAG TTCTTTCATC ATGCTCAITTA CGTTTTTTAT	780
15	CGAAGTAATC TTCTTGAGAT AAAATTTTAA CTGCTTTAAC AACTTGTGGT TGTGTGTAGT	840
	TTAAATGATT AATAATATCT TTAAGATAGT ATTCTTTCTC TTTGTTTTCG CTGATGTATG	900
20	TCAATACAGC GAATTCTTCA AAGCTAATTG AaAATTCCTT TTTAATTAAA CTTTTTAATT	960
	TGTCAGCATA AGTGACCATT GATAACAACT CAAAGCAATC ATTGATTTTT GTAATTGCCA	1020
	TGTTTAAAAC CTCCTATTTT GATGCATCTT GCTCGATACA TTTGCCCCGA TAATATAnTG	1080
25	TATCTAATCT TTATGnAT	1098

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 254:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2881 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 254:

	CCAGGTAAAA TTGTGCAATC ATTTGACGCA TTAATGGACG CCTTGGACAA TGAAGATTAT	60
	GAAGGAGAAA AAGTCATTCC ATTCTTAGAT AAACATTTTA AATATCAAGA TGGCCGATCA	120
40	AGTGAGCGTT TAGTCAGAAA TTTATTTGGT AGCTAAGTTT ATATAGTAGT CAAAGTGGGA	180
	GAGGTATAAT GATGAAATTT TCAGTAATAG TTCCAACATr CAATTCAGAA AAGTATATAA	240
45	CAGAATTACT TAATAGCCTT GCGAAACAAG ATTTTCCGAA AACTGAATTT GAAGTGGTTG	300
	TAGTTGATGA CTGTTCAACA GATCAAACGT TACAAATAGT TGAAAAGTAT CGCAATAAAT	360
	TGAACTTGAA AGTAAGTCAA CTCGAAACAA ATTCTGGTGG TCCAGGTAAA CCTAGAAATG	420
50	KGGCGTTAAA ACAAGCAGAA GGTGAATTTG TATTATTTGT GGACTCCGAT GACTATATAA	480
	ACAAAGAGAC TTAAAGGAT GCAGCAGCAT TTATTGATGA ACATCACTCA GATGTCTTAT	540

	CACCTGAAGT TACTTTGTGA AATTCAAGAA TTATCTATAC TTTAAGCCCG ACTAAAATCT	660
	ATAGAACAGC ATTACTAAAA GATAATGACA TTTATTTTCC AGAAGAATTA AAGAGTGCAG	720
5	AAGATCAATT ATTTACAATG AAAGCATATT TAAATGCAAA TCGAATCAGT GTGTTAAGTG	780
	ATAAAGCGTA TTATTATGCT ACAAAGCGTG AAGGTGAACA TATGAGTAGT GCGTATGTTT	840
10	CACCTGAAGA CTTTTATGAA GTCATGAGAT TGATTGCTGT AGAAATATTA AATGCAGATT	900
	TAGAAGAAGC CCATAAAAAT CAAATCTTAG CAGAATTTTT AAATCGTCAT TTTAGTTTTT	960
	CTCGTACGAA TGGCTTCTCA CTTAAAGTTA AACTAGAAGA TCAACCACAA TGGATTAATG	1020
15	CTCTAGGAGA CTTTATACAA GCAGTTCCAG AACGTGTAGA TGCATTGGTG ATGAGTAAAT	1080
	TACGACCATT GTTGCACTAC GCGAGAGCGA AAGATATAGA CAACTATAGA ACTGTGGAAG	1140
	AAAGTTACCG TCAAGGTCAA TACTACCGTT TTGATATTGT AGATGGTAAA TTAAACATTC	1200
20	AATTCAATGA AGGCGAACCA TACTTTAAAG GCATTGATAT CGCTAAGCCA AAAGTGAAAA	1260
	TGACAGCATT TAAATTTGAT AATCATAAAA TTGTTACAGA GCTAACGTTA AATGAATTTA	1320
	TGATTGGCGA AGGACATTAT GATGTCAGAC TTAAATTACA TTCACGAAAC AAGAAGCACA	1380
25	CAATGTATGT ACCTTTAAGT GTCAATGCGA ATAAACAATA TCGTTTTAAC ATTATGTTAG	1440
	AAGATATTAA AGCGTATTTA CCTAAAGAAA AAATTTGGGA TGTTTTCTTA GAAGTCCAAA	1500
	TAGGTACGGA AGTATTTGAA GTGCGTGTG GTAATCAACG TAATAAATAT GCATATACTG	1560
30	CAGAAACAAG TGCATTAATT CATTTGAATA ATGATTTTGA TAGATTAACA CCGTATTTCA	1620
	CAAAAGACTT TAATAACATT TCGTTATACT TTACAGCTAT TACATTAACG GATTCAATCT	1680
	CATTGAAGTT AAAAGGTAAA AACAAAATCA TTTTAACTGG TCTGGATCGT GGTTATGTAT	1740
35	TTGAAGAAGG TATGGCTAGT GTCGTACTAA AAGACGACAT GGTGATGGGA ATGTTAAGCC	1800
	AAACATCAGA AAACGAAGTG CAAATCTTA CTTAGCAAAG ATATTAAAAA GCGAGACTTC	1860
40	AAAAATATTG TTAAGTTAAA CACTGCACAT ATCACTTATC CACTAAATAA ATAATAAATG	1920
	CCCTCAAATC ATTGTGAGCC AACATGATTT GAGGGCTTTA TTTTGCTGTT TATGACATGA	1980
	TTATGACATT TCCCTGATTT TCATTTTCAT ATACATTAAA TTGTATACAC TGGAAATGAG	2040
45	GAGGTTATCT ATAATGATAA ATAAAAATGA CATAGTAGCA GATGTAGTAA CTGATTATCC	2100
	GAAAGCAGCG GATATTTTGA GAAGTGTGGG AATAGATTTT TGTGTGGCG GACAAGTAAG	2160
	TATAGAAGCA GCAGCCTTAG AAAAGAAAAA TGTAGATTTG AACGAATTAT TACAGCGTCT	2220
50	CAACGACGTT GAACAAACGA ATACACCAGG TTCGTTAAAT CCTAAATTTT TAAATGTTTC	2280
	ATCACTTATT CAATATATTC AATCAGCATA TCATGAACCT CTAAGAGAAG AATTTAAAAA	2340

TGAGTTAAAA GAAACATACG ATACATTTAA AAATGGCATG TTAGAGCATA TGCAAAAAGA 2460  
 AGACGATGTC GATTTTCCAA AACTCATTTAA ATATGAGCAA GGTGAGGTAG TAGACGATAT 2520  
 5 TAATACTGTG ATAGATGATT TAGTTTCAGA CCACATTGCA ACGGGAGAAT TGTTAGTAAA 2580  
 AATGAGCGAA TTAACATCTA GTTATGAACC TCCGATAGAA GCGTGTGGTA CTTGGCGACT 2640  
 TGTTTATCAG AGATTAAAAG CACTTGAAGT GTTAACACAT GAACACGTAC ATTTAGAGAA 2700  
 10 TCACGTATTA TTTAAAAAAG TATCATAAAT AACGCGATTA GAAACTGTTG GCAAAAATAA 2760  
 GTCCAGCAGT TTTTCGCTAT GTATAAAAGT CATAATAGTG ACATAAACAG CATTATTTGA 2820  
 AAAGAAaAAT GGTCAACTTA GCATAAAAAT TGATATGAAn ATTTAATGGT ATAGATAATT 2880  
 15 A 2881

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 255:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1056 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 255:

ACCGTCGAAT ATCGCTTGTTG ATTTACAATT TGTGTATTAA GATGCTCAAC TAATTGGGGT 60  
 30 ACATATTCCG AATTTAGATT TGCAAGTACA ACAATTCCAT AATTTTGTTT TGGATTTAGT 120  
 AAAATAAATG ATGAAAAGTT ATCTAGCGTT CCTGAATGAA AACTAAATG TTCATCATT 180  
 TTGGTAAACC AGCCGGAAGC ATATGCATTG GCATTAGGTT CACCAATTGT TGAAGATAAA 240  
 35 TTTTATGTG ATTGTTGAAC TAATGATTTG TATTTATCAG GTGGATTAAG TTGGAATTTT 300  
 ATCCAAATGTT CCAAATCTTC AGTTGATGTC ATCATATATG CTGATGGTGT ATCCCAAAGG 360  
 TTAAATTCAG GTTTAGAGAC GACAGGTGTC GAACCTTGTA ATTCATAGCC AATAGCATCA 420  
 40 TGTTTTGATT TGTAATTGGT TTGTTTGAAT GATGTATGTG TCATATGCAA AGGCTTGAGC 480  
 CATGAATTTG TAATATATTT TGTATAGGAT TGCTTCGTAA CGTTTTGGAT AATTAAACCT 540  
 AATAAATCAT AGTTCATATT TGAGTATTCA AATTCCTTCTC CGGGCTTATG ATGTAATTCA 600  
 45 TCACCCATAA TTGCATGGGT TACATCATTT AAACGATTAT TTTTGCTTGT CACAGAATCT 660  
 tCGCTTGTA TAtCACTAGG TATACCACTT GTTGAGCCA AAAGTTGCTT AATCGTAATA 720  
 50 GTTTCATTTT GACCATTATA GTTCATTTTA AAATGAGGCA CATGTTTGGA TACGGCATCA 780  
 TTAAAGTTTA ATCGACCTTC TTGAGCTAAT TTTAAAATTG CAAGACCTGT GAAAGCTTTC 840

55

TGATAACCAT AACCTTTATT TAAAAAACT TTGCCATTTT TTACTAYTAA AATTGATGCT 960  
 CCAGGAATGT GTCCCTTTTG TAAATCATGC TCGATAATTG TATCTATTTG TTGTTGCGAA 1020  
 5 TCATTGGTTA ACCGTGTCTT CGTATTGCTA TTTAAT 1056

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 256:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 10 (A) LENGTH: 1277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 256:

ATGCCaCACT TATTGGTGGC AGGATCGACG GGTAGTGGTA AATCTGTTTG TATAAATGGT 60  
 20 ATTATTACAA GTATTTTATT AAATGCTAAG CCGCATGAAG TTAACTTAT GTTAATCGAT 120  
 CCGAAAATGG TTGAACTAAA TGTTTATAAC GGAATTCCAC ACTTATTAAT TCCGGTTGTT 180  
 ACAAACTCTC ATAAAGCTGC TCAAGCTTTA GAAAAAATTG TAGCTGAGAT GGAAAGACGT 240  
 25 TATGATTTAT TCCAACATTC ATCAACTAGA AACATTAAAG GTTATAACGA ATTAATCCGT 300  
 AAGCAAAATC AAGAATTAGA TGAGAAGCAA CCAGAATTAC CTTATATCGT TGTTATTGTA 360  
 GATGAGCTTG CAGATTTAAT GATGGTAGCT GGTAAGAAG TTGAAAATGC GATTCAACGT 420  
 30 ATTACACAAA TGGCACGTGC AGCAGGTATA CATTTAATTG TAGCGACACA AAGACCTTCT 480  
 GTGGATGTAA TTACAGGTAT CATTAAAAAT AATATTCCAT CTAGAATAGC TTTTGCTGTG 540  
 AGTTCTCAAA CAGATTCAAG AACTATTATT GGTACTGGCG GCGCAGAAAA GtKACTTGGT 600  
 35 AAAGGTGACA TGTATACGT TGGAAATGGT GACTCATCAC AAACACGTAT TCAAGGGGCG 660  
 TTTTAAAGTG ACCAAGAGGT GCAAGATGTT GTAAATTATG TAGTAGAACA ACAACAGGCA 720  
 AATTATGTAA AAGAAATGGA ACCAGATGCA CCAGTGGATA AATCGGAAAT GAAAAGTGAA 780  
 40 GATGCTTTAT ATGaTGAAGC GTATTTGTTT GTTGTGaaC AACAAAAGGC aAGTACATCA 840  
 TTGTTACAAC GCCAATTTaG AATTGGtTAT AATAGAGCAT CTAGGTTGAT GGATGATTTA 900  
 GAACGCAATC AGGTAATCGG TCCACAAAAA GGAAGCAAGC CTAGACAAGT TTTAATAGAT 960  
 45 CTTAATAATG ACGAGGTGTA AAAAAATGTC AGAAATGAAT GCGGTATATA ACGTTAAACA 1020  
 ATaCATTTtA AATTTgATTA AGCAAAATAA ATTGGAATAT GGTGACCAAC TTCCAAGTAA 1080  
 50 TTTATCAATT GCCAGAGAAT TAAATGTAAA AACCGACGAT GTTTATGAAG CAATTCAGCa 1140  
 TTGATTACTG AACAAATCAT TAAAGATaT TTGAAGAGGG CACAAGTGTT AAGTCACTGC 1200

55

GrtTTGAATG CGGAACT

1277

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 257:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 257:

	TACCGTCGTT TTATGyGTCA AATTTTACAG TAAATTTTGC TTCATCAAAA GAAATAACCT	60
15	TTAACAAGTA TAGTAATTTT ACATTTTACA ATGTTACAAA ATATAATTTT TTATAATTAG	120
	TTAAATCAC TAAAACGCTT TTATACACTA TCAATCAGC ATTTATAAAA ATATGAACCG	180
20	ATATCCTAAA ATGTTAATAA TATTACAAGA TAATAACArA CCACACAAAG CTACTTATTT	240
	TTGATAATAT GGAAATCGTA ATATAAAACn AAAACTTAAT TTACTATATA AATTGTCTTA	300
	ATAATTTTTA AAAGTAGTAA AACATAATTT TAAGGAGGAG TCCCTTTGAA AAAATTAGCA	360
25	TTTGCAATAA CAGCAACATC TGGTGACGCT GCATTTTAA CGCATCATGA TGCACAAGCT	420
	TCTACACAAC ATACAGTACA ATCTGGTGAA TCATTATGGA GTATTGCTCA AAAATACAAC	480
	ACTTCAGTAG AGAGTATTAA ACAAATAAC CAATTAGATA ACAACTTGGT ATTCCCTGGT	540
30	CAAGTTATCT CAGTAGGTGG AAGTGATGCA CAAAATACGT CAAACACTTC TCCACAAGCT	600
	GGTTCAGCAT CATCTCATAC TGTACAAGCT GGTGAATCAT TAAATATCAT TGCTAGCAGA	660
	TATGGTGTTT CAGTTGATCA ATTAATGGCA GCCAATAACT TACGTGGTTA TTAAATTATG	720
35	CCTAACCAAA CATTACAAAT TCCTAATGGT GGATCAGGTG GTACAACACC AACAGCTACA	780
	ACAGGTAGCA ATGGCAATGC ATCATCTTTT AATCACCAAA ATTTATACAC TGCTGGTCAA	840
	TGTACATGGT ACGTATTTGA CCGTCGTGCT CAAGCTGGTA GTCCAATTAG CACATATTGG	900
40	TCAGACGCTA AGTATTGGGC TGGTAACGCA GCTAATGATG GTTACCAAGT AAACAACACA	960
	CCATCAGTTG GTTCAATTAT GCAAAGCACA CCTGGTCCAT ATGGTCATGT TGCTTATGTT	1020
45	GAACGTGTCA ATGGTGATGG TAGTATCTTG ATTTCTGAAA TGAATTACAC ATATGGTCCA	1080
	TACAATATGA ACTACCGTAC AATCCAGCT TCAGAAGTTT CTAGCTATGC ATTCATCCAT	1140
	TAATTAAATA AATTGTACTG ATATATACTA GCAATTCACA TCATGTGAGA TTGCTAGTTT	1200
50	TTTATTTTGG AAAAAAATTT TCATTTTGGT ACAAAAAATT ATCTCACCCT TCCCTATCAT	1260
	ACATATTTAT ATTTTGTATG AATGGTAGTT AGGTAAAAAT TAACAACCTA CCTATTTGAT	1320

	ATTTAATTG TTATACCAGT ATTTTACGCT TTTTCGTCTA CATATACAAA TTTATATTAA	1440
	ATAAAGCCCA ATACAATTTA GGTAAATTAA ACAAGTTGAT AACTATTTAA TTATTCCTTC	1500
5	ATTGAAGAAT ATAAACTATT AAATCATTAT TTTGCTCTTA CATATATTTT AATGACCTAA	1560
	CTGaTTATGT TCCATGGAAT ACATTTATAA TATAGCCTCC TAATTAArAT GCyTTGTCTT	1620
10	GGTCATTCTA CGTAAATTCT ATAAAATATG TTATCTACTT ACATAArArn CTGrACTTCA	1680
	ATACCACCAT ATGTTTGTGA TACTGAAGTT CAGTTTAGTT TTATTTTCAA TTAGAAAAAT	1740
	AAGTTAAGTA TATAGAATAG TAAACCTGCT AACAATGCTG AAATAGGTAA TGTAATCACC	1800
15	CATGTAATGA TCATTCGTTG CGCagTGCTC CATTTTACAC CTTTAGCTCG GTTAGAAGCA	1860
	CCAACACCTA AGATTGATGA TGACACAACG TGAGTTGTTG ATAATGGGAA ATGTAGCGAT	1920
	GATGCAACAA AAATGTGTTA TGCAGATGAT AAATCGGCCG CAGCACCATT TGCTGGACGT	1980
20	ATTTTCATAA TATTACCACC TACAGTTTTG ATAATTTTCC AGCCACCAAT TGCAGTACCA	2040
	AGCCCCATTG cTGTCGCACA GGCAAATTTT ACCCATAACT GTGGTTCAAC ACTGCCATCA	2100
	TTCTGTACAT TAGCGACAAT CAATGCCAAC GTAATAATAC CCATTGATTT TTGCGCATCA	2160
25	TTCGTACCGT GAGAGAATGA TTGTAACGCT GCTGTGAAAA TTTGGAAAAA TCTAAAGTTA	2220
	CGATTGCTC TTGTTAAATT TGCATTTTAA AAGATAACTT TAAAAATTGA ATACATCAAG	2280
	AAACCAACAC AAAATGCGAT AATCGGTGAA ACGATTAATA CAATAATAAT TTTTGTGAAA	2340
30	CCTTGGTAAT GTAACACTCC AAATGAGCCT TCAGATGCGA TTGCTGCACC CGCAATTGAA	2400
	CCTATAAGTG CATGTGAAGA CGAACTTGGA ATTCCGTAAA ACCAAGTAGC TAAATTCCAA	2460
35	ATAATAGCCG CAAGTATTGC AGCTAACACA ACAACTAATC CATTITCCAA TTAAATGGA	2520
	TCGACAATGT CTTTAGTAAT GGTGCCTGCA ACGCCCGTAA ATGTTAAAGC ACCTATAAAG	2580
	TTCArCACTG CTGCCATTAA AATTGCCGTT TTAGGgTTAA CGCTCTAGTA GATACAGCAG	2640
40	TAGCTACTGC ATTGGcTGTA TCATGGAaTC CcATTGATAA AGTCAAATAT CAGCGAGAAA	2700
	ATAACTACAG CTATAGTGAC GATGATTATA TATGACATAA ATATATACTC CCCTTAGCTA	2760
	TTTTTCATAA TAATAGTTTC AAAATTATTT GCTACGATTT GACATTTATC AGCGATTTCT	2820
45	TCCATGCTTT CATAAATATC TTTTATTTA ATTAAAGTGA TTGGATCTGT TTCGCTATTG	2880
	AAAATATGTT TAATTGACTG TCTTAAAATA CCATCACAGT TTGTTTCAAA TTCTTTAATA	2940
	TTAATTGAAT GAATACGCAT ATGTGATAAT TTTTATCGA CTAATAAGCC GACAGCAAGT	3000
50	TTCAITTCG CAACTGCTTT TTGAATGTTA TCAACAACT CAGCCATATA TTCATCTGTG	3060
	TATTCGATTG AATACATTTT AAACATrGCT GCCGTTTCTT CAATTGCATC TAAAACATCA	3120

TTTAAATCAG TAATTACTTG ATGTACTAAt tCGcACCATG TGACTCATAA GTTTTAATGT 3240  
 TGTCTGAGTA TGCTTTTAAA TCTAAATGTG TATTGAAATC CATTTTACCG AATTCAATAG 3300  
 5 CAGCACGATC CAGATTGAAA ACCATCTCTT CTAATTGAAC CATAAACTTA TCTTTTTTCT 3360  
 TACTAAACAT TTAAAATCCT CCATTTAAGC GATTGTCACC AATCACATTC AGTTATAATT 3420  
 TGTTTTCAAT TAAGACAAGT GAATTTACAA ACTAATGATA CAAATTTGTT ATTATCAATC 3480  
 10 GTCAGTATAA TTTTAGTGTA CTGATATTAA TTTCAAAAAT GCCTCACAGT AAACAATTTA 3540  
 CTGTATTTGC CCTTATA 3557

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 258:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1631 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 20

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 258:

25 AACTATACAT TTCGAAAAAT TCTTCTAGTG AACCTGCGCC ACCAGGAGCC ATGACAAATG 60  
 CATCTGCAAG TTCTGCCATT TTATTTTnAC GTTCATGCAT AGAATCAACT AAAATTAATT 120  
 CAGTTAAACG TTGGCTTG TG ATTTCATGTT CATCTAACAT TTTAGGCATG ACGCCAATAG 180  
 30 CTTTGCCGCC ATGATCTAAT ACACCATCTT GaATGGCACC CATAATGCCA ATTGACCCTG 240  
 CACCAAATAC TAATTCATAA CCTTGTTT CAG CAAAATATTT ACCTAAATCG TATGCTTTTT 300  
 GTACATATGA AGGGTCATGA CCTTTGCTTG CACCACAATA AACTGCGATT CGTTTCATGT 360  
 35 TAATCCAGCT CCTTAATTCG ATGAATGACT TTTAATAGTG ATTGTTCAAA CACTTTTTGA 420  
 TCTTGCTTTG TAAAAGGTGG GGGACCTTTG TGGCGACCAC CTTGTTTTCT AATTTGTGCA 480  
 TTCAATATATC GTTTATCTAA TAGTTGTTGA ATATTTTGG AATTGTATAT CTTCCCATTA 540  
 40 TGATGCATGA CAATTAAGAC TTTGTCGACT AATAAACTTG CGAGTCCATA ATCTTGAGTG 600  
 ACTACGATAT CATCCTTCGT TGATAATTGA ACAATTTTGT AATCAACTGC ATCTGGTCCA 660  
 TCATCAACAT ATAATGTTGA TACATGTGGA GGATATAATT GGTTCGAAAA ATGGCTGAAG 720  
 45 CTCCGAATAA TTGTCACAAA AATGCCTGTC TCAGTTGTTA AATCTATAAT AGAATCAACA 780  
 ACAGGACAAG CATCTCCATC AATAATAATA TGTGTCACAA TTATGCCTCT GTATTGTTTT 840  
 50 CTTTATTTTG TTGAGAGGCG CTTTGGCAA CATAATCTTT ATATTTTTTA AATGACTTGA 900  
 TGC GTGCTTT ATCAGCTTCT TGTGCGGTT TTTGTTCTTC TTTGTGTCGT TTTTCAATAT 960

55

CGCCTTTTT CTCAGTTTTC TCATCTAATT TATTAGGTGT TAAGCCTGCT TTTTCTTCGT 1080  
 ATTTTTGTGA TTTTTCATA TCTTTAATAC GTTGATTTTC ATTCTTTTCG CGGGCTTTTT 1140  
 5 GCTCTTCTTT ATGACGCTTT TCGATATTTT TTTGAAGTAT TTTATTCATT TTATCAGCGT 1200  
 CTTTACGATT TTGTTTAGCT AATTTTTCGC CTTTCTCTC AATATAGGCA GGATCATGTT 1260  
 10 CTCTAGCAAA CTTTTTAAGT TCACGTTTAT TTTCAAAATC TTGTTTTTTA TCGCCGACAT 1320  
 ATTCTTTAAC ATCACTCGCT GTGTTACTGA TTGCTGCAGA TGTTTTTGAA GCAACTTTAC 1380  
 TTGTAGCATC TGTAACTTTT TGTACGTCCG GATGTTGTTT GATACGTTTA CGTTCAACAA 1440  
 15 TTAACGGTAC CAATACAATT GGTAAATACAT TAATCATAAA TTTGATGACT TTTTCTTAT 1500  
 CCATAGATCT TGcCTCCaTA ATTACTTTAT TAAtTTTACa TACCcATGa TACATCAATA 1560  
 TAAACGATGA TAGTAGTGAA TCACTATTAA GTATTTTCAAG TGTTTTtTAA AAgaAGaCCC 1620  
 20 AATTAnAAAA A 1631

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 259:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 25 (A) LENGTH: 6645 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## 30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 259:

CGAAATCATG ATTTAATGCT TTTTCATATA AGCTTTTCCA ATTAATCTTT CGTCCATGAT 60  
 ATTCTTCAAC TGTTGCTAGA TATTGTGCAA TTTTAGTTAC TTAAAGGAG TGTGCTGCAA 120  
 35 CaTTGTGkTC mAAATATTTA AATTTTCCaG GtAATCTTAT AAGTCTTTCC aTATCTGATA 180  
 ATCTtTTAAA ATATTGATGT ACACCCATTT CAATTACCTC CTCCATTAAT TAATCATAAA 240  
 TTATACTTTC TTTTACATA TCAATCAATT AAATATCATT TaAATATCTT CTTTaTATAA 300  
 40 cTCTGATTAA ATGATACCAA AAAATCctCT CAACCTGTTA CTAAACAGG CTAAGAGGAT 360  
 AGTCTTGCTCT TGATATATTA CTTAGTGGAT GTAATTATAT TTTCTGGAT TTAAAATTGT 420  
 45 TCTTGAAGAT TTAACATTAA ATCCAGCATA GTTCATTTCA GAAACAGTAA TTGTTCCATT 480  
 AGGGTTTACA GATTCAACAA CACCAACATG TCCATATGGA CCAGCAGCTG TTTGGAAAAT 540  
 AGCGCCAAct TCTGGTGTtT TATCTACTTT AAATCCTGCA ACTTTTGCTG CGTAATTCCA 600  
 50 GTTATTTGCA TTGCCCCATA AACTTCCTAT ACTTCTACCT AATTGTGCAC GACGATCGAA 660  
 AGCATAATAT GTGCAGTTTC CATAAGCATA TAAGTTTCCT CTGTTAGCAA CTGATTTATT 720

55

	TACATTA	ACT	GTCTTAG	TTA	CTGCTTG	CCTT	AGGTGCT	TGC	TTAACTACTA	CTTTTTTAGA	840
	TGCTTGTT	TGT	ACAGGTT	TGTT	TTACTAC	CCTT	TTTAGCT	TGG	CTTGCTTTTC	TTACTGGTGA	900
5	TTTAACCG	CCT	TTAGTTT	TGTT	TCACTTT	TATT	TTGAGGC	CACA	AGTGAAATCA	CGTCACCAGG	960
	AAAAATT	AAA	GGTGTTA	CAC	CAGGATT	TGTA	TGAATATA	AT	TGATTCAACG	TTAAGTGATG	1020
	CTCTAAAG	CA	ATCTTAT	ATA	ATGAATC	GCC	AGCAACTACT		GTATAAGTTG	TCGGTGATTG	1080
10	CGTTTGT	GCT	TGAACATT	TG	ATACATA	AATT	ATGTTGA	ACA	GGTGTTTTTA	CTTGTGTGCC	1140
	ATGTTGTT	TGT	GCATGTG	CTG	CATTATT	TTAA	AGCTAAAAA		GCTAACACTG	ACGAAACCGT	1200
	CACTGTA	AAGA	GATTTTT	TCA	TCTTGCT	GTC	ATTCCTTTG	C	TGTTAGTATT	TTAAGTATGC	1260
15	AAATACT	TATA	GCACAATA	CA	TTTTGT	CAAA	AGCTATTG	TT	ATAACGATGT	AATCAAATGG	1320
	TTAACAAT	TAT	AAAAAGA	ATA	CAACCTT	TTTA	TCATAGT	GTA	AAATGTATTC	ATACCATGTA	1380
	ATTGAGA	ACG	TTTTCAAT	AA	TTAATT	CAAT	ACCTTGAAA		TCGCCATAGG	TAATATTACT	1440
20	AAATGCAC	CAC	TGCATAT	GTT	GTTTTA	AACAA	ACACAACT	TT	TAAAAAATAT	ATTCTAACTC	1500
	TATCTACC	GAT	ATTGTACT	TA	AATATTC	ATA	AACAAATCAT		ATTCCAAAAT	CTAATTTACA	1560
	ATTTATTT	AG	CTACCTTT	AA	AAAAAC	CAAA	AACCGACG	CC	CTTTTAGAGC	CTCGGTTTTA	1620
25	AAATATAT	TAT	TAATCGT	GCG	ACATTGT	CTG	TCTTAAAT	AT	GATTTCGATA	ATGGTCCAAT	1680
	GTCTCCAT	CC	ATCACTG	CAT	CAACCTT	ACC	TGTTTCT	TCG	TTCGTACGAT	GATCTTTCAC	1740
	CATTGAGT	TAT	GGATGGAAA		CATATGAT	CT	AATTGGG	CTT	CCCCAGCCGA	TTTCTTTTTG	1800
30	TTCGCCAC	GAT	ATTTCAG	CCA	TTTCACG	TGC	CTGCTCT	TCC	AATTTTAATT	GATATAATTT	1860
	AGACTTTA	AC	ATTTTCAT	AG	CTGCTTC	ACG	GTTTTTA	ATT	TGAGAACGTT	CATTTTGTTT	1920
35	ATTAACA	ACT	ATACCTG	AGG	GGTGGT	G	AATTCGT	ATT	GCCGATTCAG	TTTGTTAAT	1980
	ATGCTGAC	CA	CCTGCACC	AG	AAGCTCT	GAA	TGTATCA	ACT	GTAATATCAT	CCGGATTGAT	2040
	TTCAATCT	CT	ATTTTCAT	CAT	TATTA	AAATC	TGGAATA	ACG	TCGCATGATG	CAAATGATGT	2100
40	ATGACGAC	GAT	CCTGATG	AAT	CAAATG	GAGA	AATTCGT	ACT	AGTCGGTGTA	CACCTTTTTC	2160
	AGCTTTT	AAA	TAACCATA	AG	CATTATG	CCC	TTTGATG	AGC	AATGTTACAC	TTTTAATCCC	2220
	CGCTTCAT	CC	CAGGTAG	AT	AATCAAC	AGT	TTCAACT	TTTA	AAGCCTTTCT	TCTCACAATA	2280
45	ACGTTGAT	AC	ATTCTAA	ATA	GCATATT	AGC	CCAATCT	TGA	GACTCCGTGC	CACCTGCACC	2340
	AGGATGTA	AC	TCTAGA	AATTG	CGTTATT	G	ATCGTG	AGG	CCATCTAATA	ATAATTGCAA	2400
	TTCGTATT	CA	TCCACTTT	AG	CCTTAA	AAAT	AATGAC	CTCT	TGCTCTAAGT	CTTCTTTCAT	2460
50	TTCTTCAT	CA	AATTCCT	CTT	GTAATA	AAATC	CCAAGT	AGCA	TCCATGTCAT	CTACTTCTGC	2520

55

	TTGCGCTTTC GTTTGGTTAT CCCAAAAATT AGGTCTGCC ATCATTCTT CATATTCTTG	2640
	AATATTAGTT TCTTTGTTCT CTAAGTCAAA GAGACCCCT AATTGTGTT AAATCTTGAT	2700
5	TATACTTATC TATATTTCGT TTGATTCTG ATAATTCCAT AGCATTGCT CCTATTTATA	2760
	TTTCAATTCA AGTCATTGAT TTGCATCTTT TATAATGCTA AATTTTAACA TAATTTTGT	2820
10	AAATAACAAT GTTAAGAAAT ATAAGCACAC TGACAATTAG TTTATGCATT TATTGTTAAA	2880
	AATCAGTACA TTTATCATCG ACATATGCCT AAACCGATTT TTTAAACTA AGTACATAAC	2940
	AACGTTTAAC AACCTCTTCA CATTTTTTAA AGTATTTAAC GCTTGTAATA TAAAAAGACT	3000
15	CCTCCATAA CACAACTAT AGGTGTTTAA TTGGAAGGAG TTATTTTATA TCATTTATTT	3060
	TCCATGGCAA TTTTGAATT TTTTACCACT ACCACATGGA CAATCATCGT TACGACCAAC	3120
	TTGATCGCCT TTAACGATTG GTTTCGGTTT CACTTTTTCT TTACCATCTT CAGCTGAAAC	3180
20	GTGCTTCGCT TCACCAAAC CTGTTGTTTT TTCACGTTCA ATATTATCTT CAACTGTGAC	3240
	TACAGATTTT AAAATGAATT TACAAGTATC TTCTTCAATA TTTTGCATCA TGATATCAAA	3300
	TAATTCATGA CCTTCATTTT GATAGTCACG TAATGGATTT TGTTGTGCAT AAGAACGTAA	3360
25	GTGAATACCT TGACGTAATT GATCCATTGT GTCGATATGA TCAGTCCAAT GGCTATCAAT	3420
	AGAACGAAGT AAAATCATAC GCTCAAAC TCATTCTTGT TCTTCTAAGA TATCTTTTTG	3480
	ACTTTGATAT GCTGCTTCAA TCTTAGCCCA AACGACTTCG AAAATATCTT CAGCATCTTT	3540
30	ACCTTTGATA TCATCCTCTG TAATGTCACC TTCTTGTAAG AAGATGTCAT TAATGTAGTC	3600
	GATGAATGGT TGATATTCAG GCTCGTCATC TGCTGTATTA ATATAGTAAT TGATACTACG	3660
	TTGTAACGTT GAACGTAGCA TTGCATCTAC AACTTGAGAG CTGTCTTCTT CATCAATAAT	3720
35	ACTATTTCTT TCGTTATAGA TAATTCACG TTGTTTACGT AATACTTCAT CGTATTCTAA	3780
	GATACTTTA CGCGCGTCGA AGTTATTACC TTCTACACGT TTTTGTGCTG ATTCTACAGC	3840
40	TCTTGATACC ATTTTGTATT CAATTGGTGT AGAGTCATCT AAACCTAGTC GGCTCATCAT	3900
	TTTCTGTAAA CGTTCAGAAC CAAAACGAAT CATTAAATCA TCTTGTAATG ATAAATAGAA	3960
	GCGACTATCC CCTTATCAC CTGACGTCC AGAACGACCA CGTAACTGGT CATCAATACG	4020
45	ACGAGATTCA TGTCGCTCTG TACCTATTAC TGCTAAACCG CTAATTCCT CTACGCCTTC	4080
	ACCTAATTTG ATATCTGTAC CACGACCAGC CATGTTAGTG GCAATAGTAA CGGCACCTTT	4140
	TTGTCCAGCG CCTGCAACAA TTTCAGCTTC ACGTTCATGA TTTTTCGCAT TTAACACATC	4200
50	ATGACGGATA CCACGTTTTT TAAGTAAATT TGAAATATAT TCAGAAGTCT CAACTGCAAC	4260
	AGTACCTAAT AGCACTGGTT GCCCTGCCTT GTGTTTTTCA ACAACATCTT CTACTIONG	4320

	TTTATTTGTC GGAATTTGAG TTACTGTCAT GTTATAAATA TTTCTAAATT CTTCTTCTTC	4440
	AGTTTTAGCT GTACCTGTCA TACCCGCAAG TTTATTGTAC ATTCTGAAAT AGTTTTGGAA	4500
5	TGTAATAGAC GCCATAGTTT TAGATTCAAT TTGAATTTGA ACGCCTTCCT TCGCTTCAAT	4560
	AGCTTGGTGT AAACCTTCCG AGAAACGACG GCCTGGCATT GTACGTCCTG TAAATTGATC	4620
	GACAATTAAT ACTTCGCCAT CAACAACCAT ATAGTCTACG TCACGTTGTA ATGTAACGTG	4680
10	CGCACGTAAA GCTGTGTTGA TATGACTAAT AACATCAACA TTTTGTACAT CATATAAGTT	4740
	TTCAACTTTG AACATACGTT CAGCTTTATC CGCACCTTGT TCTGTTAAAT GTACAGCTTT	4800
	CGTTTTTTTCA TCGTATTTAT AATCTTCGTC CTGTTTTAAC ATTTTCGCAA AAACATTTGC	4860
15	TTGTGTATAA AGTGACGTTG ACTTTTCAGC TTCACCAGAA ATAATTAATG GCGTACGTGC	4920
	CTCGTCGATT AAAATTGAGT CAACCTCATC AATGATTGCA AAATGTAATG GACGCATTAC	4980
20	TCTATCTTCA GAATAATTCA CCATGTTATC TCGTAAGTAA TCAAAACCTA GCTCATTATT	5040
	AGTACTGTAA GTAATGTCTT GTGCGTATGC TTCACGTTTT TCTTCTGTCG TCTTACTGTT	5100
	TAAGTTTAAT CCGACAGTCA AACCTAAGAA GTTATATAAC TCAGCCATTT CTTCACTTTG	5160
25	AACACTTGAT AAGTATTCAT TGACTGTAAT AACGTGAACA CCTCTACCAG CTAATGCATT	5220
	TAAGTATGTT GGCATTGTCG CTGTTAATGT TTTACCTTCA CCTGTTCTCA TCTCAGCGAT	5280
	ATCACCTTTA TGAATTGCAA TACCACCCAT AATTTGAACT TTATATGGTG TCATATTGAA	5340
30	TACACGTTTA GAGCCTTCTC TAACAAGTGC ATATGCTTCT GGTAAAATTT TATCTAAATA	5400
	ATCATTTTGC TTTTGTGACAT TATCAATGTC AGCTAATTCT GTTTGGAATT GTTTCGTTTT	5460
	ATTACGAATT TCTTCATCAG TTAAAATTGC CGTTTTTCT TCTAAAGCGA TTACTTTATC	5520
35	AGCAAGTTTA CCTAACTGTT TAATTTCTTT ATTATTGCCA TCAAGAATTT TTGATAAAAA	5580
	TCCCATTTCG TTCGCTCCTT TAGCTAAAAA ACTGTTTGGC CTACAACAAT ATATCTTATC	5640
	ATTTATAGTT AGAAAATTAT ACTTATTTAC TCATTTGTAG AATCAATATA AATATATTTA	5700
40	TGACATACTT CATTACATT CTGTTGTCAA CAAGTTTATC ACTAATAAAT ATATTCTCAA	5760
	TACGCAATTA TACTTCCTAA TAAATTATAT TATAAATATT TTACGATTTT CGACTCGGAC	5820
	TATACAATAG ACTGACATAC TATTATTAAC TTAACATTCA AATATATACA TCCATTAAAC	5880
45	TTAGCATAGT CACTATGTTT CATTCAACAA ATTACATTAT CGAACTATGA AATAGTCATA	5940
	ATTTGCTTTT GGAGTATAAA AAAGCACTTG TGCAAAAACA CAAGTGCTTT AAACTTAATT	6000
50	TATTGTTTAC TAGTTTGAAT CAAGCCATAT TTACCGTCTT TACGGCGGTA AACGATACTT	6060
	GTTCCATCAG TTTCTCTGTC TGTGAATACA AAGAAGTCAT GACCTAATAG ATTCATTTGT	6120

55

ATCTCGTTAT CATCGTAAGC GTCATTATCA ACTTGTGTTT CTTGCATTTC TTGTAATTTC 6240  
 GCAACAAACA CTTCTTGATC TCCTCGATCA CGGCTCTTAC GATTAATACG TGTTTTATAT 6300  
 5 TTTCGAACTT GTCTTTCAAG TTTATTATTA ATTAAATCAA TACCTGCGTA TAAATCATCG 6360  
 TTTCGCTCTT CAGCTCTTAA CGTAACATTT TTCAATGGAA TTGTTACTTC AATTTTAGTA 6420  
 GCTGAATTTG AATAAGTTTT AACTTTAACA TGCGCCACTG CATTGTTGAC GTCATTAAAA 6480  
 10 TAACGTTCCA ACTTACCAAT TTTTTCCKCA ATATAGTTGC GAATAGCATC TGTGATAGTG 6540  
 AGGTTATCTC CATGAATTTT AAATCTAATC ATAGTAAATC TCTCCTTAAA CCTCTTTATn 6600  
 GGrAACTCnT TATTATATTT AACATTTTTA CGCCAATCGT GCAAA 6645  
 15

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 260:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 7430 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 20

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 260:

CAGTTCACGC ACAtCTATTG GGGATCAACA AACTAGGGAA AATGCTAATT ATCAACGTGA 60  
 AAACGGTGTT GACGAACAGC AACATACTGA AAATTTAACT AAGAACTTGC ATAATGATAA 120  
 30 AACAAATATCA GAAGAAAATC ATCGTAAAAC AGATGATTTC AATAAAGATC AACTAAAGGA 180  
 TGATAAAAAA TCATCGCTTA ATAATAAAAA TATTCAACGT GATACAACAA AAAATAACAA 240  
 TGCTAATCCT AGCGATGTAA ATCAAGGGTT AGAACAGGCT ATTAATGATG GTAAACAAAG 300  
 35 TAAAGTGGCG TCACAGCAAC AGTCAAAAGA GGCAGATAAT AGTCAAGATT CAAACGCTAA 360  
 TAACATCTA CCTTCACAAA GTCGAATAAA GGAAGCACCA TCATTAAATA AGTTAGATCA 420  
 AACAACTCAA CGAGAAATTG TTAATGAGAC AGAAATAGAG AAAGTACAAC CACAACAAA 480  
 40 TAATCAAGCG AATGATAAAA TTAATACTA CAATTTTAAC AATGAACAAG AAGTGAAACC 540  
 TCAAAAAGAC GAAAAACAC TATCAGTTTC AGATTTAAAA AACAATCAA AATCACCAGT 600  
 AGAACCAACA AAGGACAATG ACAAGAAAAA TGGATTAAAT TTATTAAAAA GTAGTGCAGT 660  
 45 AGCAACGTTA CCAAACAAAG GGACAAAGGA ACTTACTGCA AAAGCGAAAG ATGATCAAAC 720  
 GAATAAAGTT GCCAAACAAG GGCAGTATAA AAATCAGGAT CCTATCGTTT TAGTGCATGG 780  
 50 TTTCAATGGG TTACAGATG ATATTAATCC TTCAGTGTTA GCTCATTATT GGGGCGGTAA 840  
 TAAAATGAAC ATTCGCCAAG ATTTAGAAGA AAATGGTTAC AAAGCTTATG AAGCAAGTAT 900

55

	TCGTGTAGAT TATGGTGCAG CACATGCAGC AAAATATGGA CATGAACGTT ATGGAAAAAC	1020
	ATACGAaGGA ATTTACAAAG ACTGGAAACC AGGACAGAAG GTACACCTAG TTGGACATAG	1080
5	TATGGGCGGT CAAACGATAC GTCAACTAGA AGAATTACTG CGTAATGGTA ATCGTGAAGA	1140
	AATAGAGTAT CAAAAGAAAC ATGGTGGcGA AATTCTCCA CTATTCAAAG GTAATCATGA	1200
	CAATATGATT TCATCAATTA CTACTTTAGG AACACCACAT AATGGTACAC ACGCATCAGA	1260
10	TTTAGCTGGT AATGAAGCTT TAGTGAGACA AATCGTATTT GATATCGGTA AAATGTTTGG	1320
	TAATAAAAAT TCAAGAGTAG ACTTCGGGTT GGCTCAATGG GGTCTAAAAC AGAAGCCAAA	1380
	TGAATCATAT ATTGATTATG TCAAACGCGT TAAACAATCT AATTTATGGA AATCAAAAGA	1440
15	TAATGGATTT TACGATCTGA CGCGTGAGGG TGCanCAGAT TTAAATCGTA AAACGTCGTT	1500
	GAACCCTAAC ATTGTGTATA AAACATACAC TGGTGAAGCA ACGCACAAAG CATTAAATAG	1560
20	CGATAGACAA AAAGCAGACT TAAATATGTT TTTCCCATTT GTGATTACTG GTAACTTAAT	1620
	CGGTAAAGCT ACTGAAAAAG AATGGCGAGA AAACGATGGT TTAGTATCCG TTATTTCTTC	1680
	TCAACATCCA TTTAATCAAG CTTATACAAA AGCGACAGAT AAAATTCAAA AAGGCATTG	1740
25	GCAAGTGACG CCTACAAAAC ATGATTGGGA TCATGTTGAC TTTGTAGGAC AAGACAGTTC	1800
	TGATACAGTG CGCACAAGAG AAGAATTACA AGATTTTTGG CATCATTTAG CAGACGATTT	1860
	AGTGAAAAC TAAAAGCTGA CTGATACTAA GCAAGCATAA TTTATAAAGT AAAGGGAGGA	1920
30	ATTAATAATG ACTGCAGACT TCTTTCAATT AATCGGATCA TTATTTAGAA TTCTAAAAGA	1980
	ATTATTCAAG TAAAACATTG GCGAGGCCCC AACATAAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC	2040
	AAACAATGCA AGTTGGCGGG GCCCCAACAA AGAAGCTGGC GGAAAGTCAG CTTACAATAA	2100
35	TGTGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAA GCTGGCGGAA AGTCAGGTTA CAATAATGTG	2160
	CAAGTTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGCGAAAATA TCATTTCTGT CCCACTCCCA	2220
	TTGGCATTTA CGAAGTTTAA ATGTGCAATT AGAATATATG TATAACAATA TTAAACACGC	2280
40	GGTAAAACGA AGTCAGTCAA TTCAAACCTGA TTTCGCCAC CGCGTGTTTT TAACATAGCT	2340
	TAATAATTAA TAAGCATTAA TGTTCATTT ATATGGTTGT TTTCCAATAA TAAACCTAAA	2400
	GATATAGAAT TCACGCAATA TCATGCCGAC ACCTATACAT AATCCTAAAA TGAATAGTAG	2460
45	TGATATCGCT AGAAAGACCA TTGTATTATC CTCAAATATA TTTGTATATG CAAACAATGA	2520
	GTCTAGAATG ATTGGATGTA ATAAATAAAT AAAGAATGAG AAAGCACTAA TCATTTGAAT	2580
50	CGTATTAAAT AACATTGTTT TAAAATGCGT GCAAATACCC AAGATAACAA TAAACATAAT	2640
	ACTATTATAT GGTGTTAATG AATATGAAAA GCTGGTAACG TTCCAATAGT CTCCaTTTGT	2700

55

	TCTAAGAAAT TTAATACACG TTCGTAGTTA TAACCCATAT ATGCACCTAA GAAGAAATAA	2820
	AAAATCCATC CGAATATTAT AGTATTTTCA CTTAATGGAT AATAGTGTAG CACGGTATCG	2880
5	TGAAACGCTG TGTGTTCGT AAAGTAATAT AAAAATGATT GCTGTAAAAT AAAAGATAAC	2940
	AATAATAATA TTTTACTGTT GAATAGGTTA TAGTTAATTT TAAAAATGAT ATAACTCAAA	3000
10	ATAAAGAATT GCATGATAAC AACGATAAAA TAGCCATACC ATTGACCTAA TAGGACATTT	3060
	TCAATGAATT GTTTATTGAA ACTTGAATCT GTTAATAATG ATTCACTATA ACTGTAAAAC	3120
	AATCCCATTA ATATGTAAGG AATAAGTATA TATTTTACGC GTGTAGTTAA GTATCTATAG	3180
15	GTGACTTTTT GGTAATTCAA GGTTGTCAGT AACTGTGACA AGATAATAAA GCAAGGTGTA	3240
	CCAAAAATCA CAATATTACG AATGTAAAAT TGTAACACTA AGGATCCACC CTCCATATTT	3300
	TCATGTTTTA AAGTAATTG TGTAAGTAAA TGTGTGATAA TAATAATTGC ACATATAATA	3360
20	GCACGTAAAT ATACGAGTTC AAGTCTAATC TTTTTCATGG AATCCGTCCC ATCTCTTAAT	3420
	TAAATGCTCA AAAGCATCAT CACTAATTAA TATTCTAGGG ATGTAATAAT CATTGGAGTT	3480
	CGGAGTGACT GCTTTTTCCT CTAATGAAAA ACCGTATTTT AACCAGCTT TTTTGATTAC	3540
25	CGGTAATTTA TCGTCATTCA TCAAGCCATA AGGATAGGCT ATAGTTTTCT GCGACTTTTT	3600
	AAAGTTTTTA GTTAGATATT TTTCACTTTT GTTTAAATCT TTTATGATTG TAGCTTCAGA	3660
	AGCTTTCATT AATTTTGACT TATTATTTTT AGATAAGTTA TGCAAATCGT GGGTATGTGT	3720
30	TTCAAATTCC CATAACCCAG TTTTATACAT TTCTTTTAGT TCTTTTTTAC TAATCATATC	3780
	GAGGTGTGA AAGTTTTCTT CCCCAACATG ACCTGTGATA ATAAACCCAG TTGCCGGTAT	3840
	TTTATATTTT TTTAAGATTG GATAAGCATT TTCATAAATA GTTTCATCCA TATCATCAA	3900
35	GTTAATCCAT AACTTCGTT TTGGAACTT ACCTTTTTTC TTGTAATATA AAAATTCTTT	3960
	CAAGTTAAA AATTTAGCAT CATGTGATTT TAGCCATTTT ATTTGAGATT CAAATTGTGA	4020
40	TTGACTAACA CTATAATTTT TAATTTCTTT ACTACTAGAA AAGAAGTAAA TAAAATTATT	4080
	CAGAAAATTC GCTTTTCTTA CACGGTGATA ATTTAATGCC AGAGCACTAT TTTCTTTATA	4140
	TTTCAGTTTT TTAGGTGAAT CGTCATCTGC ATTTGCAATA TGATGACCAT CCAGTGTGCT	4200
45	TACAGGCAAT ATGATCAAGA TACTCAACAC TAAAATTATA AATTTTCTAT ACTTCACGAT	4260
	TCTCTTCCTC TCTGCCATT TTTGAATCAAT ATGCTAATTG TAAAAAATAC AAAAATGATA	4320
	ATCGCGAAAA TGCCCATAGT TTCAAATATA TCTAAAATTT CAGTATTTTC AATGTTTAAA	4380
50	GCAACACGTA TTGTATTGAT ACTTTCGTCA TGAATTTCAA ATATAGTACC AATATAAACG	4440
	AGTAGAACAA CTAAACAATA TATCCAAAAG ACACAAGATA TAGCGATAAG TGCTGTTTCT	4500

55

TTGCGTAACC ACCTTTCTTA CGTTTTAATG CTTTTGGAAA TCGACAAGA ACTACTGCTG 4620  
 CGTTAATAAT CCAGTATACT GTCGGATACC AACTTACAAA TATGAGTCCA GCCATATTCT 4680  
 5 TTTTCTCGTA GCGACTATCA ATAAAGAGTG CGACTGTAAA TTGAATAACG TTTATAAAAAG 4740  
 TCATAGTAAA TGATGATAGT AGAAATATTG AAAAAGTATA TGTCAATAAT GTATAGTCTA 4800  
 AGAAGTTTGC TGTATGAAC AAATAGCCTA AATATAGAAG CACTATATAT ACCCATAAAA 4860  
 10 TCGAGATGAT TTGCTCAAAC ATCAAAATAT ATAAAGGAAA CCTTTTCGTT TTCATTGTGC 4920  
 TAAAAAGTC TCGTAGTAAT ACTTCGTGTC CCCCTTGAGC CCATCTCACG CGTTGCTTCC 4980  
 AAAGACCTCC CAATGTTTCT GGAACCAACA TCCAACACAT GGCAAGCGGT TCATACTTAA 5040  
 15 TACGATATCC ACGTAAATGC AATTTCCAAG AAAGTCAAT ATCTTCGGTA ATCATATCAG 5100  
 TATCCAGTA GCCAACGTCG ACAACTGCAC TTTTTTTAAA TAGAGTGAAG ACACCCGAAA 5160  
 TAGTATTGAC TCGGCCAGCA AGTGTCTGAC TtCGCTTAAT ACAGCCAATT AAAGTGCAT 5220  
 20 ATTCTATCGT TTGAATTTTA CCTAAAATAG AACTCTTATT TCGAATTCTA GGATTACCTG 5280  
 TAACTGCACC AAGTTTTGGA TCATGTTTGA AATTCTCAAT CATATAATAT GGTGCATCTT 5340  
 GATCAACGAT AGTATCTGCA TCCAAGCACA TTACATAATC ATATGAAGCC TGTTTAATGC 5400  
 25 CTTGATTGAG TCGGTTGGCT TTACCTCTGT TTTCTTGTA ATCGACGAAA ATAAAGTCAT 5460  
 TATTTCTTTT GATTTTATAG ATGAGTTCTG CTGTATTATC TGAAGTTCCA TCATTAATGA 5520  
 TAATAATTTT TTTCTTCTCG TATTTGAGTG CAAGAACATT AGACAACGTA TCTTCAAYCG 5580  
 TTTCACTTTT GTTATAACAG GCAAGTAAAA ATGTAATGCC TTCTAATTCA TCCACATTTA 5640  
 TGTCAAGGCTT CTGTTCAAT GAATATCTAA TTTCTCTGGT AAAATAGAAA TAAATTGAAC 5700  
 35 CGACAATCCA GTAAATAGAC ATAAATACAG GATAAAAAAG CAAAAGTTA AAAAATTGCA 5760  
 ATTTCTTTAC CTACCTTTCT TTAGTTAGGT TGTAAGCCAT ATGGTAATTG ATAGTATTTT 5820  
 AATTGCAAT AGATTGTTGT TATAATTAAA CGGAAATATT TGTAATTGCA ACTTAATTTT 5880  
 40 CCTGTAACAT AGTGTGATTA ATTTTCAGTA GGGGGTTATA AAAATTGAAG GATAAGATTA 5940  
 TTGATAACGC AATAACCTTA TTTTCAGAGA AGGGGTATGA CGGTACAACA CTTGATGATA 6000  
 TAGCTAAAAG TGTAATATA AAGAAAGCGA GTTTATATTA CCATTTTGAC TCGAAAAAAA 6060  
 45 GTATTTACGA ACAAAGTGTT AAATGTTGTT TTGATTACCT TAATAATATT ATTATGATGA 6120  
 ATCAAAATAA ATCGAACTAT TCAATTGATG CTTTATATCA ATTCTTATTT GAGTTTATTT 6180  
 TCGACATCGA AGAAAGGTAT ATTAGAATGT ACGTTCAATT ATCTAATACG CCTGAGGAAT 6240  
 50 TTTCTGGAAG TATTTACGGA CAAATACAAG ATTTAAATCA ATCATTAGT AAAGAGATAG 6300

55

TGCTGTTTCT TGAAAGTTGG TATTTGAAAG CATCCTTTTC GCAAAAATTT GGAGCAGTGG 6420  
 AAGAAAGTAA AAGTCAATTC AAAGATGAAG TGTATTGCT ACTAAATATA TTTTGAAGA 6480  
 5 AATAATTTTT GTTACTAGTT TGTAATAATT AACTTACTTT TGTAACAAAA GACATGAGAT 6540  
 TATTTTTTTA AATCTATATA AAGTTGACAA TACAAATCGA TATTGAGAAT ATTAAGATGT 6600  
 10 ATATGAATTT TATAAATTAA ATGCAATACA TTAATATAAA TATCAATTGT TGCAAAATAC 6660  
 GATTTGTTCA ATGATTTGAT AATATTATTC TTTATATTG TGAATGGTTA AGTTTGTCTT 6720  
 TGAACATATT ATAAAAGTGT AATGTTCCCC TGAAAAGAAT AAGTTGTCAT CTAATTACAG 6780  
 15 GAAATCCGCA TAAATTAGAT GAAATGGAAA GTAATAAGTA ATAATTTATT GATAAGCGCC 6840  
 TATGTGATGG TAAATCATGA CATAGGCGCT TTTTTTTATA AGTTAAAAAT GTAAATAAAA 6900  
 ATTATATAAA TTACCCACAT CTTTTTAAAA GGTGTGGGCT TTATTATCAT TAACCCAACT 6960  
 20 CACAGTGACG GGTACGCAA GGTATTGAAT TACCGAGTAC GGGCACGCTC GGTGTTGTAA 7020  
 AGAGCAAATA ATCAAGTAAT GATGATGCTT CTAATCGATT ATAAGAAAGC CATGATAGAG 7080  
 TACGATGGTA TCTAGTTTTA TTATTAATAG GTTTGGATAT TTAAAGTTGG ACAATATTAT 7140  
 25 ATCTTGTCGA AAAATATAAA TAAGTTATAC ATAATGGTAG AGAATCATGA TATAATTTTA 7200  
 AACGATAAAA TATTTATATA AATAATTAGA GAAAATGTAG TTGTGTATGT yTTGTGGtCG 7260  
 30 TTAAACTAGA TATAATTGTC CGATTATATA AACATACATA ATGAATACaA TGATTGATTA 7320  
 TGTGGAGGAA ACCATGAmAG AmAAGTTTgA TTTAGTAAAA CTATTAAATA TTCTAAAGAA 7380  
 GAATATTAAA TTATTGCTTA TTTACCGGC AATATGTCTT GTAGTAAGTG 7430

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4082 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 261:

ATTGTTACTC ATTATTTTTT CATATTCACA CAAATGATCT TGTTTATATT TAGCTAATTG 60  
 ATTTTATCT AGCATTTTAT CTCCTGCTG AGTTTGTAACT CTTAATAAT TTATTTTCTA 120  
 50 TAAAACTTA GTATTCCAGT TGCTTATTAT ATCATTGATG AAAGGCTGAA ATAAACATA 180  
 AACTGTTCCG ACCATTAACG CTGTAGCTAA AGATAAGTCT ACAAGTCCAC CTGTTTTTAA 240  
 TTGAATCGGT GTCTTCACAT TAAACGGTAA gGaknAAAAT AATTTACGC CTTTTGGTGT 300

55

	AGGCGTCTGA ATAATTTGCA ATAAAAATGC TATGATTGCG ATAAATAATA TTGAATGCGT	420
	AAAGGTTCTGA TGTCCAAAGA TCAATCTCAC AAAAAAACTA ATTACCTTAA ACCTTCTGCC	480
5	AATCTTACTT TGAGTGTGAC ATATATCGGG TAATAAGCTA GCTAGAGTTG CTAGAATGAT	540
	AACCGTAACC GACGAAAAAA TATCCGTTTG AAAATATTGT GTTGTTAGCG CTCCAACGAG	600
10	CATGCCGCAT GAAGCATGTG TTTTACCTGT CATATTTGTT CTCCTTTAAT ACTCACATTT	660
	TACCACATCC CTAACAAAAA CACGAACATA TTTTCGGGTT AAAATTCATT AGTATGACAC	720
	AATTTAAAAA AGTATCACAT AACTCTTGAA AACGATTACA AAATCGTTTA TGATGTATTT	780
15	ACAAAATATT TAAAGGATGT GTTTGAATAA TGGCAATGAC AGTAAAAAAG GATAATAATG	840
	AAGTGCGTAT TCAATGGAGA GTTGCTGATA TCAAATTCC TACAAGTGAA ATTAAAAATA	900
	TTACACAAGA CCAAGATATT CATGCAGTTC CTAAATTAGA CAGCAAAGAT GTATCTAGAA	960
20	TCGGCTCAAC GTTTGGTAAA ACGAATCGCG TTATTATCGA TACTGAAGAC CACGAATACA	1020
	TTATTTATAC TCAAAATGAT CAAAAGGTTT ACAATGAATT AACTAAATAA ATTGTATAAA	1080
	AaAATCATT C ATGGTGAGGG CTTTCATGAAT GATTTTTTTTA ATTGATTCAA CACCCAGCAT	1140
25	AAACAAATAC AAAAGGACAA CTGTTCCCAT AATTTTAACA GTTGTCTTTT TTCACATATA	1200
	TTTATAACAA AAGATGTGCC ATCAAAGAAA TAATTGGTAG TGTAATGATT GTTCTAATCA	1260
30	AGAAAATCAT AAACAATTTG CCGATGCTTA CAGGAATCTT CGAACCAAGT ATGACGCCAC	1320
	CTACTTCAGA CAAGTATATT AACTGCGATA TACTAAGTGC CCCAATAACA AAACGAGTTA	1380
	TATCATTTTG TACACCTTCA ATTAATATAG AAGGTAAAAA CATATCGGCA AAACCGATAA	1440
35	TAATCGTTTG AGAAGCCTGT GCCGCTTCAG GTATTTGCAT TAACTCTAAA AATGGAACAA	1500
	AAGGTTTACC CAATATGACA AAAAAGGGCG TGTAGTTCGC AATAATGGTA GCAATAGTAC	1560
	CAATACTCAT TACTACAGGC AAAATAACAA ACCACATATC AATGACTGTT TTTAATCCTG	1620
40	ACTTAAAAAA GTCAATAACG CCCGGTGCTT TAATACCTAC TTCTGTTGCA GTATCAAAGC	1680
	CATGTCTCAA TGCCGTCTTT CTTTCTGGCA ATGCCTCAGT ACGCGCACTT TCAGGTACCT	1740
	CCTTAGCATA CTCATCAGGA ATTTTATTTA AAGGCCAAAT TCTTGGCATA ATGACTGCTG	1800
45	CAACGAGGCA GGATACTATC ACTGATAAAT AGAAAGCAAA AAATTGATTT TGCATGTGCA	1860
	CTGTTTCAGC AACTACAATT GCAAAGGTGA TAGAACTAC ACTAAATGTC GTTGAAATAA	1920
50	CTGTTGCCTC ACGACGAGAA TAATATCCTT CACCATATTG TCTACTTGTA ATTAAGACAC	1980
	CAACAGTTCC GTCTCCAATA AATGATGCTA AATTATCTAC CGTCGAACGT CCTGGCAATG	2040
55	TAAATAAAGG TCTCATAACC GGTCTAAAAA TAGGACCCAA CATCTCTAAC AAACCGTATT	2100

	AACTTGAGAA CAATAATCCA CCCGTTTCAT CTGAGTAAAT AACCTTTGAA CCAATTCGTA	2220
	AAAATGTCAT CCATGCAAAA ACAACTGCTA ATATTCGTAA AATTAACCAA CCAATTCTAA	2280
5	CGTTAAAAGC ATTGTTCAAT AGCCCGTCAG GTTTCAATTT ATCTTTTAAA ATAGTTGAAC	2340
	AAATCAGAGT TATGATACCC GATAAAGTAA TTATCGTCAC AATTAAAAAT GGCATTACGC	2400
10	CACCTAATAC ATCTTTAAGC ACGCCTGCTA AAAATGCCAC GGGCAACGTT GTTTGCTTCT	2460
	GTCCATCTTG TCGACTGGA ATTGGTACTA AAAATAATAA GATACCAATT AAAGACATCG	2520
	TAATAAACTT AAGTCTCCCA ATAACATCTT CTTTCCTTGA AAAGCTATCC ATAAAATCAA	2580
15	TCCATTTCTC TATGTATTG TTTTAAGTAT ATACAGAATT CTATTCAGTT AACAAACATA	2640
	TTCCTTATCA TTCTATCTTT CAAAATGTTT ATGTATGCAA AATAATGAAT AATTACAGTT	2700
	ATTAAATATA CGCTATTTCT TGTAATTTTT CAAGATGAAT TCAAAAAAGG TTAAGTACAA	2760
20	TTACTGATTT CGTACTTAAC CTTTTTTAAA CTCTAATCAT ATGTTAGTTA TTTCAATCTT	2820
	CGTAATAATA TTAAGAAGTA TGGTGACCCG ATAATTGCAA TGATAACCCC AACAGGAATA	2880
	TCCAGTGGCG GATGAATGCC ACGGGCTAAA CCATCTCCAA ATGTTAACAA TATAGCACCA	2940
25	ATTAACCCCG ACATGATAAT AACGTGTAAT GTTTTATTTT CTATTAATTG TCTCGCAATA	3000
	TGAGGTGCAA TTAATCCTAA AAAGCTAATA CCACCGACAA CTGAAATTGC GGATCCTGCT	3060
30	AATATTACTG CTAAAATTAA CAATAGCATT TTAATAGTTT TAACTTTTAA ACCGAGTGCG	3120
	GTTGCAACAG CATCACCTAG ATTCAATACA TCTAATTGAT AACTCAATAA AATGATGATT	3180
	GGTATCGTTA TTA AAAACCA AGGTAATATA GTATAAATAT TCGACATATC ATGTCCATAT	3240
35	AGACTACCTG TCAACCAAAC AAGCGCTTTG TTTGCTTCCA GTGGATTTCT GATTAATAAG	3300
	AACTGCACAA TCGCCGTACA TATTGCGCCT ATTGCTAAAC CAATTAAGGC AAGCTTTGAA	3360
	CCTTTAACAT CATATTTTGA AATTAAAAAT GATAAAAATA AACTTACTGC AAAGGCACCT	3420
40	AAGAATGAAC CTATAGGTAA TACAAACAAT GGTGCTGTTG GAAAGGTCAT AATAATAATC	3480
	ACAGCAGCTA AACTGGCACC TTTAGAAATA CCTATAACAT CAGGTGAGGC TAACGGGTTT	3540
45	CTTATTACAG CTTGTATAAT TGCACCTGAA ATAGCCAAGC TACTACCGAT AATAATACCA	3600
	AGTAATGTTT TAGGTATACG ATACTCATTT AAAATAAAAT CATCTTGTGT AAAGATTCCC	3660
	TTAATAGCAT CAATCGGATG AATCATGACA GACCCTACAC ATAAACTTAT GAATATACTC	3720
50	ACAATTAAAA GGATTGTGAT TAACTATAA CGACGTATAA TTTTCGTTGT CATCATATTC	3780
	TTTTCACCCC TTTAATCGTT ATAAATAAGA AGTAAAGTGC ACCTACGAAT GATGTAACAA	3840
	TCCCTACTGG TGATTCATAA GGATATGTAA TTAAACGACT TAATACATCT GATAGTAGTA	3900

55

AGCGTTTGAC TATATGCGGT ACGATTAAGC CAACAAATCC AATTGGTCCT GCCACTGACA 4020  
 CCGACATACC TGTAAGAATA ATGACTAATA GTCCAATGAT AATTCTAACT TTATTTATAT 4080  
 5 TT 4082

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 262:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1145 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 262:

TATTAGAAGG TCGTTCGGAT GAACAATTAA AAAATTTAGT TAGCGAAGTA ACTGACGCCG 60  
 20 TAGAAAAAAC AACGGGGGCA AATAGACAAG CAATTCACGT TGTATAGAA GAAATGAAAC 120  
 CAAACCATTA TGGTGTGGCT GGCCTAAGAA AGTCAGATCA ATAATTCTTC ATAAGATGCA 180  
 TGCCAATTAA TTCTTTGAAA ACGAACAAGG CGACTTCTAT CTGaGTATGA TAGAAATCGC 240  
 25 CTTGTTTATT TTTAATCTTC ATCTAAAAAG TCTTTAATAG CTTGTTTATT TGTGTTTTTA 300  
 TTAATCTGTA ATGCACTACC ATCAGTATTT GTATTGACAT CyTCGTATGA GTTCTTGATT 360  
 GGCaCAGTCA ATGACTTAAC ATCTTTTTCA CCTCGGATAC CaAAACTCAA ACCTGTTTGG 420  
 30 AAAATCCCTG AATCAGGAAT GTTTGTATTC ACATAGCCTC TTAATAATACC TGCAACTTTT 480  
 GGTAATTTAA CAACTGTTCT AAAATTAACC ATTTCTTTTT TCAATGTTTG CATCACTTGT 540  
 35 TGCTGACGTC GCACGCGTCC GAAGTCACCT TCAGGGTCGT GACGGAATCT TGCATAACCA 600  
 AGTAATTCTT TACCATTCAA CCTATGGTTA CCCTTTTTCA AAGATACACC AATATTTTTT 660  
 GACATATCTT TTTCGACATT AATTGGTACA CCTTCAGGCA TTAATTCATC AATCATTTTC 720  
 40 TCAAATCCAG TAAAATCAAC TACTGCATAA TATTCAGGAT TAATTCCTAA ATTTTTATCA 780  
 AGTGTTTTTT TAAGTAGCTC TGGACCACCT AAAGCGTATG CTGAATTAAT TTTGTGTTTT 840  
 CCATATCCTG GAATATCTGC ATAAATATCA CGCATGACAG ACATCATTTT CATCTTTTTA 900  
 45 TTGATAAAGT CATATTGAAC AACCATGATA GAATCTGTTC TTGATTGTCC ACCTTGTGCT 960  
 TTATCTGCAC CGAGTACAAG AATAGAAATT nTACCATCAT TTTTFACTGG TCCATTAAAT 1020  
 TGATGTACTT TAACATCTTT CGCATGTTTC TTGGCATATT CTACACCGCT ATTGTAACATA 1080  
 50 TGTACAATAT ATACAACTAA TGCCGATAAG TAAAATTACA ACAATCAGAA GAATGATAGG 1140  
 TAATT 1145

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 7075 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 263:

10	TATGGCTCAT CATTAAATGCA CGTATCGGGT AGCGTTTACC ATTGATAAGT GCTTCATGTT	60
	TAGCACGAGT TCTTAAAT CCATCGCCAT AACCGATATC AACTACAGCT AATTTTGTAT	120
15	TGTTTTTAGT CACTTCAAAG GCAAAGCTAT AACCGCAATA ATCACCAGCT TGTACTTCGC	180
	GCACTTGAAT AACATGTGCT TTAAAGTTA ATGACTGAAC TATATCATGT TGATTCAGTG	240
	AACTATATGG TCTTGAACCG TATAACGCAA TACCTACACG CGCATGTGTA TGGTGGGGTA	300
20	GTAATAYyyg TCCTTCCCGA TAAAACTCG CACTATTTTG AGCATGGATT AGGTCGAACT	360
	GATAACCTTC AGATAAAAGT GCTTCAACAA TTTCCATCCA TTGTGAACGT TCAACATTAT	420
	AACTGACAC ATCGAATTCA TCAGCATATC CAAAATGGGk CCATAAACCA CTAATAATCA	480
25	TTTTTGCAAT TTGATTATGA TGGTGATCTT TCAATACTTC TTAAATTTTCG TTAAATCTT	540
	TAAATCCAGA CCGATGTAAT AAATTTTCAA ATTCTAAGTG AACATGAATA CCAGCTAAAT	600
	CATTTTTATG GTTATAGTAA TATGTCAACG ACGGCAAAGT CATGTGTATT TGATGTTTAC	660
30	GGACTAAATC AAATCGTAA ACTGCATTCA TTAAAAAGAT TGTTGCATCT GGAGCAAGTT	720
	GTCTAATTTG AATTGCTTCT CGTAGTGATG TTGTGCTAAA TGTATCTATA CCTGCATGGA	780
35	TAAACTGAGT TACAGCAAAT TCTAGGTCAT AGTGATATGC ATTATTTTTTA ACAACTGCCA	840
	TTAATGGCTG ATTGTTTTTG ACTGTGATTG CATTTTGTA AAATATTTTC TTATTTACAG	900
	ACCATGTTGC TGTCAATGTA TTACACCTCT TTGTAATTAT TTAATAAATT TTCGTAAAAA	960
40	TTAACCACGT TTATTAACAC TTTTTCATCA AAATTTAAAT GTGATGTGTG CAAACCAGTT	1020
	ACAAAACCTT TATCTTCATT TCGTGTTCCT ATAAAAACAA AGTAAGCTGG AGCTAGTTGT	1080
	TGACCATAAA AACTAAAATC TTCCCCAAAT AAGAATGGCG TTGGTTTGTC ATAGACATTT	1140
45	AAATCAGCTT TTATTAAGGC GTCCTCTATT TGAGTACGTA ATTTCCGACT ATTGATTGTA	1200
	GGGGGATAAC CTTCTGCAAA TTAACTTCA CAATCTACAT TAAACAGAAG CTTGACACTT	1260
50	TCTGCTATCT TGTGCATTG ATTTTAAACG ATTGTAAAT CATCAATATC ATATGTACGA	1320
	ATAGTACCTT CTAAATAGCC ATTACTTGGT ACAGTGTTAA TCGCTTCACC AGCTTTAAAA	1380
55	TGACCAATAT GAACAATATT TCGTTTCAAA CCGTTAAGGT GAAATTGTTG AATTTGTGAT	1440

	ACATGACTTG ACAGGCCTGT TAAGAAAAAG CGATACTCTG TTGCGCTGGC CGTAATTTCT	1560
	TCATCTCTTA TCACTGCAAT GCCTTCATCA GCAAATGGGT TAACATGAAT ACCAAATACC	1620
5	GCTTCAATTG GATACTTATC AAAGGCACCG GCTTTTATTA ATCGATTTGC ACCGCCACCA	1680
	GTTTCTTCTG CAGGTTGGAA AATGAAAACG ACATTTTGCG GTAATTGACC TGCATCTTGC	1740
10	ATGTCTTTGC AACGTTGTAC AAAAAGCATT AATGCAGTTG TATGACCATC ATGTCCACAA	1800
	GCATGCATCA CATGATCAGA TTGACTGCGA TAAGGCACAT CATTTTCCTC TAAAATAGGT	1860
	AACGCATCAA TATCAGCTCT ATACGCTATC GTATGTGAGC CATTACCTTC TAAGTATGCA	1920
15	ATGACGCCAG TTTCCAATGG GCAATCGTAT TTAATATTTA AACTATCTAA AAACGCTTTA	1980
	ATATAAGCAG TTGTTTCAAA TTCATGTAAG CTTAATTCAG GATGTTGATG TAAATGACGG	2040
	CGATGTTTCG TAACAAATTC TAATTCATTC ATAATTATCA ATCCTTTGTG TTAAATTACT	2100
20	ATATAAATAG TGTAACGtAT TTCGAAATTT GTGATCATAA GTTTATTCAA TGCTAAACAA	2160
	TAAGGTTGAG ACATAATCGT ATCTCAACCT TGAAATTATT ATACGTTGAC GTCAGTAGTC	2220
	ATTCAGTTTT CTTAATGCTG CTACAATCTC TTTTTTAGTA TCTTGACTT CAGAAGCTTG	2280
25	CTTAATCACT TTTGCAGGTG TACCAGCAAC AACTGCACCA GCTGGTACAT CTTGTGTCAC	2340
	AATCGCGCCA GCTGcAACAA TAGCACCTTT ACCAACACGT ACACCTTCTA AAATAACTGC	2400
30	ATTTGCACCG ATTAATACAT CATCCTCGAT TATAACCGGT GAAGCACTAG GGGGTTCAAT	2460
	CACACCTGCT AATACTGCGC CAGCCCcTAC ATGTACATTT TTACCAGTTG TAGCACGACC	2520
	ACCGAGAGTA GCATTCATAT CAATCATTTG ACCTTCGCCA ACGACTGCGC CAATATTAAT	2580
35	TGTTGCGCCC ATCATAACGA CAGCACCATC TTCAATAATG GCTTGTTCTC TAATAAACGC	2640
	ACCTGGTTCA ATTCGTGCAT TCGTATTTGT TAAGTCTTTT AATGGAATAG CAGAATTGCG	2700
	ACGAfCCATT TCAATTTCTA TATCTTCGAA TTGACTACCA TATGCTTCGT AAAAAGGTTT	2760
40	CCAATCATCC GCTTCACAAA AGATTACTTT AGATTGTTCT GAACCAAATA CTTTAAACT	2820
	TTCTGGATAT GTGATGCCTT CAAAATTACC ATTTAAATAT ACTTTTATTG GTGTAGACTT	2880
45	TTTAGCATCA CTTATATATT GAATAATTTT TTCAGCTGTT AAATGTTGTA CCATAAAATA	2940
	ATCGATCTCC TTAAATATGT TTATAAGTTG TCAAACGTAT AAAAGCCGTT TGGTTTATTA	3000
	ACTAAGCGTT CTGCTGCTTG TATTGCACCA TTCGCAAAAA TATCTTTTGA TTGTGCACGA	3060
50	TGCGTGATTT GAATCGTTT ATCAGTGCCA GCAAATAGAA CTTCATGTTT ACCGACAATC	3120
	GTACCTCCAC GAATAGAATG TATACCAATA TCTTGTGGCT GCGTTTTTTC ATTTAATTCA	3180
55	TGTCTATCAT ACACAGGTGT TACATTTTCT TTCAAAGATA CGATCACATC ATACAATTTT	3240

	TCGAAATCAT CAAGTAGGGG AACAGCAGCT GCTAAAATTT TAGTCAATGC ATGAACGCCA	3360
5	TAACTCATGT TCGCGCTGAA AAACACAGGC ATATTTTGAC TCAATTCATC TAACTTATTA	3420
	AGTAGTTTTT CTTTCTCGnC CAGTgTTGCC ACAACTAATG GCAAATGAAA ATCTTCATCT	3480
	AATAAAGGGA AAAGCAGATT TGGATTTGAA AAATCTATTG CAACATCGGC ACCTTTAACA	3540
10	TCTGCAATAT GTTGATATTG TTGATATGGC GTTGTGCTT TCGGTGTATT TTCAATGACC	3600
	CCAACGATTT CATGTCCTTT TTCTTCTGCT AATCTAGCAA CGCGTTGATT CATTGCGCCA	3660
	TAGCCAATTA GTAATATTTT CACTCATTTT CACCCGCTTT AAATGTGTCA TATGTTTCAC	3720
15	GAAGCACTTT AGTATCTGTA TCTTCTAGGC TAACCAATGG TAGACGTAAT TCATAATTTT	3780
	CAAATCCTAA ATAACCTGTT AGAGCTTTAA TAGGAATTGG GTTAATATCA ACTGATAAAG	3840
	CTGATAACAG TGTGCCGATT GGTTTAAATT GATCTTGAAT ATCTAATCCA CTTTGTGAG	3900
20	CATCGTATAA CGCTTGAAAT TCTTTAGGAA TGACATTGGC AATAACAGAG ATAACCCCTT	3960
	GACCGCCACG TTGATAGTAT TCGACGACGT TGTCAATCATT GCCACTATAT AATGCAAATG	4020
25	AATTTGTATC AATGCGCTTT TTCACCTCTT CTAAATACTC AAAATCATTG GTAGCATCTT	4080
	TTAAAGCAAC TATATAAGGA TGTGACTTA ATATTCTAC AGTTTCTGGT TCAATTGTCA	4140
	TGTTCGTTCT TGAAGGAACA TTGTACAGCA CGACTGGTAA TTTCACAGCA TCTGCAATCG	4200
30	CTTCAAAGTG TTTGACTAAA CCACGTTGGT TCGTTTTGTT GTAGTAGGGC GTAATTAACA	4260
	TAAITGCATC AGCCCCTAAG GCTTTAGCTT GGATTGAAGC TTGGATTGAC TTTTCAGTAT	4320
	CATTAGTGCC AGTTCCTGCT ATGACAGGAA CACGTTTATC TACAAGATCA ATAACCTGTTT	4380
35	TTAGAATGCG TTCTTTTTCA TCTGTTGTTA AAGTAGGGCT CTCAGCAGTA GTTCCATTAA	4440
	CGATGATTGC TTGGGCATTA TTTTCTAGTA AAAAATTAAC GTGTGTTTTT AAAGCTTCAA	4500
	TATFAACTTT GTTATTTGTA AAAGGGGTTG TAAGTGCaAC sCCAACACCC TCAAATAAAT	4560
40	GTGTCATTTT AATTCGCTCC TTTTAAACGC ATAACCTGTT CCAATACTTG TACAGCATTT	4620
	AATGCAGCAC CTTTAAATAA ATTGTCTGAT GTACACCATA CATGGAAAGT ATTTTCTAAT	4680
45	GAATCATCTC TACGTATACG GCCAACAAAC ACTTCATCTT TATTAGTAGA ATTGATTGCC	4740
	ATTGGATATT CATTGTTCTC TGGATTGTCT ACTAAAACAA CGCGGTCATC TTGATCAAAT	4800
	AACGCTTTAA TATCTTCTGC TGTGTTTCT TTGTCAAGCG TTACATCAAT TTCAACACTA	4860
50	TGACTATCTT GAACAGGCAC ACGTGCAT GTTGCTGTTA CTTTAAAGTC TGGCGCATTT	4920
	AAAATTTTTT TCGTCTCATC AATCATTTTT TGTTCTTCTT TTGTATATCC GTTTTCTAAA	4980
55	AACACATCAA TATGCGGTAA CACATTATTA TAAATTGGAT GTGGATATGC TTCTGGTGCT	5040

	TGATATGTTG	TATATGCCAC	TCGTTTTTAAA	CCATAAGCAT	CTTGCAATAC	TTTTAGAGGT	5160
	ACAACAGATT	GAATCGTAGA	GCAGTTTGGG	TTGGCAATGA	TACCTCTTGT	AAATGTAGGT	5220
5	TCATTGACTT	CCGGAACGAT	TAAATCAATA	TCTTCTGCCA	TACGCCATTG	ACTTGAATTG	5280
	TCTATAACGA	TTGCACCAGC	TTTTTCAAAA	AGTGGGGCAA	AGTGTTCGCT	TGTACCGCCA	5340
10	CCAGCACTCA	TTAATACATA	ATCGAAATGT	TCACTTGCAC	GAGCATCAGT	TAATTCTTGA	5400
	ACTGTATATG	TTTTTCCTTG	AAATTCAACT	TCTTGCCCTG	CAGAACGTGC	TGATGAAAAT	5460
	AATACTAATT	CATCGAAAGG	AATATTTTTA	CGATTTAATG	TCTCCAACAT	TTTTGTACCT	5520
15	ACTAATCCTG	TTGCACCCAC	AACTGCTAAC	TTTGTCATAA	CTTGTCCTC	CATTTTATAA	5580
	TAATTTCCaA	TTTTTAGAAT	ATTTTAACAA	TCATTTTACC	ATTAAATGTT	AAATGCGTCA	5640
	TATAGTTTTT	CTACCGCTTG	TTGCCCATTA	AAATCATCAA	TGACGTATGA	AATACTTATT	5700
20	TCAGATGTTG	TTGTTTGGTA	GAAAGGTATA	TTATTTTCAA	TTAATGTCAA	AAATGCTTTT	5760
	GATGCCACAC	CTGACATATC	ACGCATGCCT	GAGCCAATTA	ATGAAATTTT	GACATAATGC	5820
	TCATTGATTT	TATAAGCTAA	TGCTTCATAT	TGATTCTTTA	ATGTTTCAAG	AATCATAGAA	5880
25	ATTTGATGAA	AATCACTATC	TTTAATCGTG	AAGGATAGTT	GTAGCCCATC	CAAGTTGACG	5940
	ATTTGTGAAA	TCATATCAAC	ATTTACAGCA	CCTTCTTCAA	GTTCCGTAAA	TAGTTGGGTA	6000
30	AGTAGCTGAT	TGTCAGGTAG	GGGATAACTA	ATTGTTACAT	GCATCATATG	TTTATCCAAA	6060
	GCCACACCAG	TAACTGCTTT	TTTCTCTAAT	ATTCTTCAT	TTGACATAAT	CCATGTTCCCT	6120
	TTCACGTTTCG	ATAAAGTTTT	TCCTAAATAT	AAAGGGATAT	TATAGTTTTT	AGCTAATTCA	6180
35	ACACTTCTTG	TTTCAAGTAC	ACCAGCACCT	AAAGCGCTCA	TTTCCATCAT	TTCTTCATAT	6240
	GAGACGATGT	CTAGTCGTTT	AGCCTTTGGT	AAAAGTCTTG	GGTCAGTGGC	ATACACACCA	6300
	TCAACGTCGG	TATAAAATTC	ACAAGGTATT	TGATTACTAA	CAGCAAGTGC	CACAGCGGTC	6360
40	GTATCAGAAC	CACCTCTGCC	TAAAGTTGTT	AATTCCTGAT	GTTTCATTGAT	GCCTTGAAAT	6420
	CCAGCAACTA	CTAAAATATC	GTTTTCTTGA	AAGGCTTGTT	CAAATGTTTG	AGGATTAATT	6480
	TGAGCAATTT	TACTTTTTAA	ATGATGGCCA	ATGGTTTTAA	TACCCGCTTG	ATAGCCAGTC	6540
45	ATTGCTTTGG	CATTCATACC	GATATCATTT	AATACCATTG	ATAAATAAGA	TACAGTTTGT	6600
	TGCTCTCCGG	TTGTCAATAA	TAATGCCAGT	TCTTGTGTTT	TTGGTGCTTT	AGTCAAGGTT	6660
50	GATACATTCG	TCATTAATTG	ATCTGTTGTG	TTACCCATAG	CACTTACAAC	GACAATTAAa	6720
	TTGTTTCATCT	TGATTGACTC	GCTCCTTTAA	CATTTACGCG	ATCCTTTTTA	TTTTTGTAaa	6780
	ATCACTGACG	GATGATCCGC	CAAATTTCAA	CACACTTCTT	GTTACCATAT	AATCCTCCTA	6840
55							

TAATCTATAT ACAAGTGATG CACTCCATTA TTTTAAATA ATGACAAACT CTCAGCTCTT 6960  
 AACC AAAAG TCCAACAAAT TATAACTGCT ATTATAATTG CTTCGGCATC GCACCCTTTC 7020  
 5 AAATTTAGCT GTTAGCAGAC AGTAATCTAa ACTTTACTCA TGATTGATGC GCCTC 7075

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5171 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 264:

AGACGTACTT TGTGATTmCG AAGyrCGTAC TGmAGCACTT GTCGACGTTG ATGTACTTGT 60  
 20 TGAACCTGAT TGA CTAGTAC TTTGTGATAA TGACTTACTA TCAGAATCAG ATGTACTTTG 120  
 TGAATCACTT AATGATTCTG ATGTACTACC TGACTGAGAC GTGCTCATTG AACTACTTAC 180  
 GGACATTGAT TTA CTGTCTG ATGCAGATAA TGACCCACTT GTACTGATAG AGTCACTTAC 240  
 25 TATCTCTGAA GTACTCATCG AGTCTGATGT ACTTGTTGAG ACAC TTTGTG ATGCTGCTAT 300  
 GCTTAGTGAT CCAGAAACAG AACC ACTTGT GTCGTCGAA TCGCTCAATG ATTCTGATGT 360  
 30 ACTCATCGAT TTTGAATCAC TTGTACTTAA TGATATTGAT GTACTTTGTG AATCTGATTT 420  
 GCTTGTTGAC GCAC TTTGAG AGTTGGCTAT GCTATTTGAA ATACTGATAG AGTCCGAGGT 480  
 GCTAGCTGAC TCGCTCAATG ATGTTGATGT ACTAATTGCA TTCGATGTAC TGTCACTTAA 540  
 35 TGATGCTGAT GTACTAGACG ACCCTGATAT ACTCGTTGAT AAGCTTTGTG ACTTAGACAA 600  
 GCTTCCTGAT GTACTCATAC TTAATGAGTC ACTGAGTGAT GTTGATGTAC GCAATGAATC 660  
 AGATSTACTT GTTGATAGAC TTTCGGATTT TTCAGTACTG CTAGAGTTTG AAATAGAATC 720  
 40 GCTTAATGAT GTTGATTAC TAGCTGAATC CGACATGCTT GATGATACAC TTTGTGAATT 780  
 CACTAACTT GTGCTTGTG AGCTTGATAC ACTATTACTT TCAGATGTGC TTAATGACTT 840  
 AGATGCACTC ACAGAATCAG ATAGGCTTAC ACTTGTCGAT TTCGAGGTAC TAGCTGATGT 900  
 45 AGATACCACA ATCGATCCTG ATGTACTCGT TGATGCAC TT TGTGAGTCAG CTTTACTTGT 960  
 TGACACACTT TGAGATTGTT GTGTACTTCC TGATGTTGAT ACGGAATCAC TCATGCTATT 1020  
 50 TCTTGTTACT TCATATTTAA AAGTTGTCGT CGTTTTGT TA CCGCTCGCAT CTGTAGAAAC 1080  
 GATTGATATA GTACTTGTAC CAATGTTTGT TGGTGTACCA CTAATAGTAT TATTGTACT 1140  
 ATCAAATGTT AGTCCGGATG GCAATCCAGT CACTGTATTC GTCACCGCAT TTCCACTGTT 1200

	ATTGGTGTCA	CTGTTGGTGC	TGTCGTATCC	ACAACATTTA	TTGTAAAAGT	TGTCGTGCGAT	1320
	TTGTTATTTG	CTTGGTCAGT	AGACACAAC	GTCAGTGTG	ATTGACCAAT	TTTTGTTGGT	1380
5	GTCCCAATGA	TTGAATTCGT	TGCACTATCG	TAACTTAATC	CGCTTGGTAA	TCCTGTAACT	1440
	GTATTTGTCA	CAGTCCCAGT	ACCATTATCC	GTTGTAGTCA	ATACAATAGG	ATTCATTGTT	1500
10	TTACCCACTT	CTATGGTTTG	ATTGCCTACA	GTTACAGTTG	GTGCTTTTAC	ATCAGTAAAA	1560
	TAATATGTCA	CTGATTGTCC	AGCATTGCTC	ATTTTTACAG	TTTTATTGTT	ATCATTATAA	1620
	GTTGACGCAT	ATGAACTATC	GACGGACGTG	TAGTTATATC	CTTTAGCAGT	CAATGCAGAT	1680
15	TGCTGaTTAT	CGATTGTCAC	GACTTGATCA	ACATTTCTCTG	AATATGTTTT	TGGTGAATA	1740
	ATATCTTTAC	CTGTTGTTAC	ATCAACGTAT	CTCACTTGTG	TAnCAGCAGA	CTCTGTATAT	1800
	TCGAATGTTT	CAAATTGTAC	TTGTTGTAAA	TTTGTCGCGC	CACCTGTTGA	GGCTGTCATT	1860
20	GATAATGAAA	AGTTGGTTCG	ACCACTTTTC	GCAATCCAAT	CTGAAATATT	ACGTGTCCAT	1920
	GTTTGACCTG	CATATTTGAC	AGTCATAACC	TTTGATATCAC	CATTATAGTT	AATATCAAAA	1980
	TCTTGGAaCG	TGTTATTTGT	AGGTTGaACA	TTTAACTTCG	CAGCATTATC	AGCTGTTGAA	2040
25	CTTGATGTAT	ACGTTGTGCG	AACACCATAA	CTATCTGTTG	TTACAAATGC	ACCAAACGCA	2100
	CCTCCACCAG	CTACATTAGA	TGGGTCAGCA	TTGCTCTTTG	CAGCTGAATT	TGGTTTAGAT	2160
	GTATTGTGAT	ACGTATCCAA	TTTGAAGCCA	AATGCGTTAC	TTAAGCCACC	AATACCTACT	2220
30	GCGGCACCGT	TTAACCCCTGT	TTCACCTAAT	ACACCTGGTG	AAAAGGCAAA	ACCGATACCA	2280
	TCTCCACCAT	TTCCATGCCC	TTCATATTTG	TTACCTAAAT	TTACTTTTCC	AGAAAAATGA	2340
35	AAACTCTTAT	TAGAGTCAAT	ACGTGTTCCCT	AATGTAATAG	CACCTTTTTG	GCTGTATGCA	2400
	TCCTGTGTTA	ACGTCACAAT	ACCGGTACTT	TGATCATAGG	TAGCATTACC	TGACGTTGTC	2460
	ATATaTTGTT	TTAAGTTATC	TTTATTAACT	GTAATTGTAT	TAGCAGTTAC	TGCGGTTGTC	2520
40	GTCgCTGctG	ACGCAAATGT	TGACATAGCT	AAGCGACTGA	AAGTTCGAAG	TTTTACTGGT	2580
	GCGGTGCTAG	TTGACGTTGT	GCTAGTTTTG	TTTAAGTTGA	CCGAAGATGG	CGTTGTGCTT	2640
	TGTGAAGTGT	TATTTGATGC	AGTACTTTGA	TTTGTTGATG	TATTAATTGG	TTGTTCTGTA	2700
45	CTTGAAGTTG	AAGCTACAGA	TTTAGTATCA	GAACCTGATG	TAGTATTCTT	TGAGGATGTT	2760
	GATTCTGATG	TAGATGTCAA	TTTCTCTTGT	TGATTGCTTG	TACTATTAGT	TGTCGAAGTG	2820
50	ACCTTTTCAG	ACTTTTCACT	TGAGACTGTG	TCACTATTTG	ATGTTTGTAC	CGAACTACTA	2880
	TTTtTCGTTA	CACTTGTGGA	ATCGGCTGTT	GATGTTGATG	CTTCGATTGT	CGTTGAGTTT	2940
	TGATTACCTA	CTGTTTCACT	TTGTGTGTTT	AATTCAGAAG	TTAATGGTGC	ATCAGAAGCC	3000
55							

	GTTTTCAGTC CGTATCCCGT CATTTTTTTA CTAATGCTTT GATTATCTTG ACTCACTAAA	3120
5	CTATGACTAA TAAATGGTAG CCCATAATT TTGAACATTT CTATTTCTTT AATTCCGGAT	3180
	TTTACCCAAT TTTTCCAGA TTTATAAGT CTTACTCTTG TTTTTCGTT TGCTAAGCTG	3240
	TCATGAAATG CTTTCTGTCT TTTACTCATG TAATAACTCC TTGTATTATC TTTACATTCA	3300
10	TTAGATTATA ATATATGCCA CTATTCAATT TAATACAACCT CTTTTTTGAT AAAAAATAC	3360
	TCATTTTGTT AAAATTGTA AAAATTCaTT TTTATTCGTC TAAATGTAAT CGTTTTCATA	3420
	TTTTTAAAT TACTTTTTCT CGTTTATGCG TATAATCTTT TTTTATATAA ATTTGGCTAA	3480
15	TTGGCTTTAT GTTTAATCAT TATAATTGTT TCGTTTTTAA AATAATTATT GTATTAATAT	3540
	ATCTATACCA TCCACCTTTT ATTTATAAAT AGTTAATTTA CAACTAAACG ATAAATATTA	3600
	TATGCAAAAT ACATCTTTAA TATTAAAGTA ATACCAATAT TTTTCAATA AACCTAGTGT	3660
20	AATATATGTG TAATTCTAAA AGATTCTTCT TTAAAAATAT AAATACCACG ACATATTGCT	3720
	TTAACATTTT CATTTATAAA GCGAAAAAAT GCATCGCTAC TAAGTTGAAT GTTTAGTAAG	3780
25	GATGCATTGA ATTCATAAA ATGATTAAAT TACTTATATC TTTTCATCTG ATTGATTATC	3840
	GAAATTTCTT CCTTCTAAAC CTGCTAACTC TTCTTTAGAA GCTGCAGGTG CTTTCATTTT	3900
	AAATATCTCA TTCACTACTG TGTAATCGTA ATATCCTAAT CTGGCAATAG GTTTAATCGA	3960
30	CTTAATGTCC AATTTACCAT TATCAAGAAT AACCTTATCG TCAATATGAA CTTGGGCAAC	4020
	TCTTCCTATA ACAATATCTA CGGTAGATAC TGGATCTCCA GTTGGGAATAC GAATCGTTTG	4080
	AACGTACTCA CATTCAAAT GAACTGGCGA TTCTTTTACA CGATATCCTG GAGCTTCTAT	4140
35	ACATTTTTCC TTTGTTACAC CTGCAAAATT AAATTCATCC TCTTCTGGTG GCAATGCTTT	4200
	CGATGATAAA TTAAGTGCTT CTCTTAAATC ATACGTTGCC ATATTCCACA CAAACCAACC	4260
	TGTCTCTTCA GCATTTTTCa CTGTATCTTT ACGTTCGTGA TCACCAAGAA CGGATTGATT	4320
40	TGCTGCGAAC ATAACCATAG GCGGATCCCA AGTTAAGTTT TGATACTGAC TATAAGGCGC	4380
	TAAATTATCT TTCCCATCTT TCGATACAGT AGAGATCCAC CCTATTGGAC GTGGTACTGT	4440
45	ACTACTTTTA AATGGGTCGT GCGGTAAACC ATGACTTCTT ACACCTTGTT TTGGCGAATA	4500
	ATTCATACTA TCTTCACCCC TTATAAGTAA TTACATTTAA GGTTACGCCC TCTTTACATA	4560
	AGCGTCTAAT ATAAATAAAC AATTTATTTA TAAGTAGAAA CTATATATGA CGTGGTTGCT	4620
50	TATAATTTGC GTTCTTGATT CGAAAAATTC AGATAAGGAT TTATACAATT AATATTTATG	4680
	ATATCTTTTG TAAATTTAAT TAATTATAGT TACTTCAATC ATGATTAGTT TATAATAATA	4740
55	AAGTGAAATT GAAAAAGACA GCTATTATGC GATGAGCGAA AAACCTCAAG TAAAACAAGA	4800

TAAGTTCAAA AAAGAATTCA AACCTGTTAT GCACTTAAAA GGTGATGCAT TCAATCAACA 4920  
 GTTACAATCT TTGATTAAACA AATATCCACA AATACAAAAA AATATGAAAT CAGAGTTCAT 4980  
 5 TGCTTATTAT GATAAAGAAA AAAATAGAGA AACAGTAAAA AACTATGCTT GGAACCTTCA 5040  
 AAAATCTATA AATGACATTA TGCAATCATA TCCTAGCACA AAATTTGTAC AGTTTTATAA 5100  
 AAGATGATGT TTCCCCGTCA ATGGTAGATG GAAATGGCCG TTTAAAATCG GGATACTAAT 5160  
 10 GTATTTCCAT C 5171

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 265:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3589 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 265:

CTACACACTA AACCTATTTT AGTTATGGGT GGTACAGTGA TTCTCTTTTC ATTTTAAATA 60  
 25 GGTATTTGGA TTGGTCATCC TATTGAAACA GAAATCAAAC CACTTATTAT TGGTGCGATT 120  
 ATTATGTACG TACTTGGGCT TGTAGATGAT ATCTACGATT TGAAACCGTA TATAAAATTG 180  
 GCTGGTCAAA TTGCCGCTGC CTTAGTAGTT GCTTTTTATG GTGTGACTAT TGATTTTATT 240  
 30 TCGTTGCCAA TGGGTACAAC GATTCATTTT GGATTTCTTA GTATTCCAAT TACTGTGATT 300  
 TGGATTGTTG CTATTACAAA TGCAATTAAC TTAATTGATG GACTCGATGG TTTGGCGTCG 360  
 35 GGTGTTTCKG CAATCGGACT CATTACAATA GGGTTCATTG CAATTTTACA AGCTAATATT 420  
 TTCATAACGA TGATTTGTTG TGTTTTATTA GGCTCTTTAA TTGGGTTTTT ATTTTACAAT 480  
 TTCCATCCTG CCAAAATATT TTTAGGTGAT AGTGGGGCTT TAATGATTGG ATTTATCATC 540  
 40 GGATTCCTTT CTTTACTCGG ATTCAAAAAT ATTACAATTA TTGCATTGTT CTTCCCAATT 600  
 GTTATCTTAG CAGTTCCATT CATTGATACT TTGTTGCAA TGATTGACG TGTGAAAAAA 660  
 GGGCAGCATA TAATGCAAGC TGATAAATCG CATTTGCATC ATAACTATT AGCTTTAGGC 720  
 45 TACACACATA GACAAACAGT ATTATTAATC TATTCAATCT CTATTTTATT TAGTCTTTTCG 780  
 AGCATTATTT TGTATGTATC GCCACCATTA GGTGTTGTAT TAATGTTTGT ATTAATCATA 840  
 TTTAGTATTG AATTAATTGT TGAATTTACA GGATTAATAG ATAACAATA CCGACCAATA 900  
 50 TTAAATTTAA TTAGTCGTAA GTCATCTCAT AAAGAGGAAT AGGGAATGAA AGCATAGCTG 960  
 TATGGGATAA TTTGTATTAT ATGGCTTTAC TCTTTACAAT TTTTTTGTAT TAAATTTCAA 1020

	ATTIACCGTC TTATGATAGT GCTTTTTATT TTTATTCAGT TGGTATATCG AAAGGTAAC	1140
	GCTTTGGAGT TTCTTCAGTC AAATCGAAAT TTCCTGCAGT CATTGATT AAAAGTTAA	1200
5	TAAACGCTTC ATAGTCACTT TTAACGACAT CGATATAGTA GCTTACCTTA TCAGTGTAA	1260
	TTTGGTTTCT TAACATAAAA TGAGTTGAAG CTAATTCATA TTCAAATTTA CCAGTTTGAT	1320
10	CATAATTCAG TGTTACTATA CATGGTACTG CTTCTCGTAG TTCGACACGC CCGATATCAT	1380
	AAATGACGTC TCTAACAGCA CCGCTATAGG CGGAATTAA ACCGCCACCA CCTAATTTAA	1440
	TACCACCAA ATATCTTGTT ACTACGACAC ACGCATTATG aACATCGrGC TTTTTTaATA	1500
15	TGTCTAACAT TGGGaCACCG GcAGTTCctG TCGGTTcACC ATCATCATTc GcTTTTTGAA	1560
	TATTCATTtC AGGTCCAATA GTATATGCAG AACAAATTATG AGTGGCATCT TTATGTTCTT	1620
	TTTTTATTGC AGCAATAAAT GCTTTaGCTT CATCTTCATT TTGAACAGGT TTGATATGAG	1680
20	CAATGAATCT TGATTTACTA ATCACATTTT CAATAATGTG TTCTTTTTTA ACAGTAATGA	1740
	TATTTTGTGT CATAATAACT CCTTAATTCA TAAGCTTAAG ATTATTTAAT CTTCATTATA	1800
	CACTGAAAAT GACATGACTA TAAATCGTTT GATTGCCATT TTCTTTTTTAA CTGAAATATT	1860
25	GTATCATTGC TATGAGTATA TTTTAGGAGG ACGACTATGA AAATTGCTGT GATGACCGAT	1920
	TCTACAAGTT ATCTGTCGCA GGACTTAATC GATAAATATA ATATTcAAAT AGCGCCATTA	1980
30	AGTGTGACTT TTGAAGATGG CAAGATTATA CCAGAAGAAA AAGTTCGTAC TAAAAAGCGT	2040
	GCCATTCAAA CATTAGAAAA GAAAGTATTA GATATTGTAA AAGACTTTGA AGAAGTAACT	2100
	TTATTTGTCA TAAATGGAGA TCATTTGGA GATGGTCAAG CGTTATACAA AAAGTTACAA	2160
35	GATGATTGTC CTTCAGCTTA TCAAGTAGCA TACTCTGAGT TTGGTCCAGT TGTTGCAGCA	2220
	CATTTAGGTT CTGGTGGATT AGGTTTAGGC TATGTTGGCA GAAAAATAAG ATTAACATAA	2280
	TTATAAAATT TTAATAAAAG AGTCTATATT GTAATTGGAA ATTATCTCTC GTATACATGG	2340
40	CTTTAAATGT TCATCATTTG AAAGCCAAAA TGCTAAAGAT ATAAGAAAAT CATTATAATA	2400
	TTAGGCTCTT TTTTACGTTG AAATGAGGTT TTAAGCATT AACATTACGG GAAATTAATT	2460
	CATCCTCATA CTTCACTTAC TAATGAAAAA ATTAAAAAG AAGTAACAGG TGTCATCAAA	2520
45	CAAAATTCAA ACTATTATTG TGTTCAATGT GAAAGTACAA ATCCAAGCA TTTTATCAG	2580
	TATGATTCCT CAGTACATTc CAAGAAAATT GTATATTGCA GAAATTGTAT ATCACTGGGT	2640
50	CGAATGGATA ATGTAACAAG ATATAAAATA ACAGAGAGTT CGCAAAGTTC ATCACAAGCA	2700
	TATTATCATC TCTCATTTGA ATTGTCGGAA CAGCAGTCTT ATGCCTCAGA ACATATTGTT	2760
55	CGAGCCATTA GAAAGAGACA AACGATTTTG TTATATGCCG TAACAGGTGC AGGTAAGACA	2820

TCACCACGTG TAGATGTTGT TGTAGAAATT AGTAAACGTA TTAAAGACGC ATTTCTTAAT 2940  
 GAAGATATAG ACATACTACA CCAGCAATCA AGACAACAAT TTGAAGGGCA TTTTGTTGTA 3000  
 5 TGCACAGTGC ATCAACTTTA CCGATTCAAA CAGCACTTTG ATACTATTTT TATTGATGAA 3060  
 GTCGATGCCT TTCCTTTATC AATGGATAAA AATTTACAAC AAGCATTGAA GTCATCTTCT 3120  
 AAAGTTGAAC ATGCAACAAT TTATATGACA GCAACACCAC CGAAACAAC TCTGTCAGAG 3180  
 10 ATTCCCCACG AAAATATAAT TAAATTGCCA GCTCGCTTTC ATAAAAAATC ACTTCCAGTT 3240  
 CCTAAATATC GTTATTTCAA ACTTAATAAT AAGAAGATTC AGAAAATGTT ATACCGAATT 3300  
 TTACAAGATC AAATTAATAA TCAACGTTAT ACACTGGTGT TTTTAAACAA TATAGAAACA 3360  
 15 ATGATTAAAA CATTTTCGGT TTATAAGCAG AAAATTACTA AATTAACATA CGTCCATAGC 3420  
 GAGGATGTTT TTCGCTTTGA AAAAGTTGAA CAATTAAGGA ATGGACATTT CGATGTCATT 3480  
 20 TTTACTACGA CAATATTAGA ACGTGGATTT ACAATGGCAA ATTTGGATGT TGTGTTTATC 3540  
 GATGCACATC AATATACTCA AGAGGCTTTA ATACAAATTG CTGGACGTG 3589

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 266:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1017 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 266:

TTTCCAAGAA GGcTTgAAAA AtGTTwCaAG TGGTGCgAmC CCAGTTGGTT TACGACAAGG 60  
 35 TATCGACAAA GCAGTTAAAG TTGCTGTTGA AGCGTTACAT GAAAATTCTC AAAAAGTTGA 120  
 AAATAAAAAT GAAATTGCGC AAGTAGGTGC GATTTTCAGCA GCAGATGAAG AAATTGGACG 180  
 40 TTATATTTCT GAAGCTATGG AAAAAGTAGG TAACGATGGT GTCATTACAA TTGAAGAATC 240  
 AAATGGACTA AACACTGAAC TAGAAGTGGT TGAAGGTATG CAATTGATC GTGGTTATCA 300  
 ATCACCGTAT ATGGTTACTG ATTCAGATAA AATGGTTGCT GAATTAGAAC GCCCATACAT 360  
 45 TTTAGTAACA GATAAGAAAA TCTCGTCTTT CCAAGATATC TTACCTTTAT TAGAACAAGT 420  
 GGTTCATCT AATCGTCCAA TCTTAATTGT AGCTGATGAA GTTGAAGGCG ATGCATTAAC 480  
 AAATATCGTG CTAAACCGTA TCGTGGCAC ATTTACAGCT GTTGCAGTAA AAGCACCTGG 540  
 50 TTTTGGTGAT CGTAGAAAAG CGATGCTTGA AGATTTAGCT ATTTTAACTG GTGCGCAAGT 600  
 GATTACTGAT GATTTAGGCT TAGATTTAAA AGATGCATCA ATTGATATGT TAGGTACTGC 660

CAGCATTGAT GCACGTGTTA GCCAATTGAA ATCTCAAATT GAAGAACTG AATCTGACTT 780  
 TGATCGTGAA AAATTACAAG AGCGCTTAGC TAAATTAGCA GGTGGTGTG CAGTTATCAA 840  
 5 AgTagGTGCA GCAAGTGAAA CAGAGCTTAA AGAACGTAAA TTACGTATTG AAGATGCATT 900  
 AAATTCTACA CGTGCAGCAG TTGAAGAAGG TATTGTTGCA GGTGGTGGTA CTGCATTAGT 960  
 10 AAATGTTTAC CAAAAAGTAA GTGAAATTGA AGCTGAAGGT GACATTGAAA CAGGTGT 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1409 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 267:

TTAATCCAGC GTTAACTGTA TTTGCATTTA TTATGATTAT TTCGATTCTT TTAGCGTATG 60  
 TATTTAAATG GCTTGGATTA GTGGATGATG TGTTATTAAT GGTCATTATC ATTTCAACTA 120  
 25 TTCCCTTAGG CGTAGTTGTT CCAACTTTAA AAGAAATGAA TATTATGAGA ACAACTATAG 180  
 GGCAATTTAT CCTATTAGTA GCAGTACTTG CGGACTTAGT AACTATGATT TTATTAACGG 240  
 TCTATGGCGC AATCAATGGT CAAGGCGGCA GTACAATATG GTTAATAGGT ATATTAGTTG 300  
 30 TTTTCACAGC AATTTTCATAT ATTTTAGGTG TTCAATTTAA AAGAATGTCA TTTTACAAA 360  
 AATTGATGGA TGGTACGACG CAAATCGGTA TTCGTGCGGT ATTTGCATTA ATAATATTAT 420  
 TAGTAGCCCT AGCAGAGGGA GTTGCGCAG AAAATATATT AGGTGCATTC TTAGCAGGTG 480  
 35 TCGTTGTTTC ATTATTAAAT CCAGATGAAG AAATGGTTGA AAAGTTAGAC TCATTTGGTT 540  
 ATGGGTTCTT TATTCCTATT TTCTTTATAA TGGnTGGTGT AGATTAAAC ATACCTTCAT 600  
 40 TAATTAAAGA ACCGAAATTA CTAATTATCA TACCGATTTT AATCGTnGCA TTTATCATTT 660  
 CAAAATTAAT TCCAGTCATG TTTATTCGAC GTTGGTTTGA TATGAAAACA ACGATTGCAT 720  
 CAGCATTTTT ATTAACATCA ACATTATCGC TCGTGATAGC TGCAGCCAAA ATTCAGAAA 780  
 45 GATTAAATGC TATTTTCAGCT GAAACGTCAG GTATATTAAT TTTAAGCGCA GTCATTACAT 840  
 GTGTATTCGT TCCGATTATT TTCAAAAAAC TGTTTCCAGT TCCAGATGAG TTTAACCGTA 900  
 AAATTGAAGT TAGTTTAATT GGTAATAATC AATTAACGAT TCCTATAGCG CAAAATTTAA 960  
 50 CATCTCAGTT ATATGACGTG ACATTATATT ATCGCAAAGA CTTGAGTGAT CGTCGTCAAT 1020  
 TGTCAGATGA TATCAGATG ATAGAAATTG CTGATTATGA ACAAGATGTT TTAGAACGAC 1080

AAGTTGCTAA ATTAGCCAAA GCACATCAAG TTGAGCGTGT CATTTCGAGA CTTGAAAGCA 1200  
 CAACGGACGA TACAGAGTTA GTTGATTGAG GTATTGAAAT TTTCAGTAGC TACTTAAGTA 1260  
 5 ATAAATCTT ATTAAGAGGT TTAATTGAAA CACCTAACAT GTTGAATTTA TTAAGTAATG 1320  
 TTGAAACGTC ACTATATGAA ATTCAAATGT TAAATTATAA ATATGAAAAT ATTCAATTAC 1380  
 GTAATTTCCC ATTCGGAGGA GACATCATC 1409

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 268:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4702 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 268:

AAAGAGGGTT TTTTACTACT ATAATCCATC CTTTAATGGA ATTCCATTG TCCCTTTGGC 60  
 CCGTTCATAA CCATAGGAAA ATATATGChG nAATCATTGA TAGTAAATAC ATCAATAATA 120  
 25 CGAATAATGT CCGTGAAATC ACGTCCGTAT TACCATTATT AGCTAAAACA TTTTCCAAGT 180  
 TTTCTTTTGA ACCGGATACT CATAAATGCT TTTAATGChT GGTTTTGTCT GTCGCCATCT 240  
 TTAGAATTTG TAATACTTTT TTAAATCTTT TAGCGAACAA CTCATTATCT TTATCGTTTT 300  
 30 TAGCCATTG ACGATTCAAA TCGTTAGCTC TTACGCCTAA TGCTCGACCT GTCGCATGTA 360  
 GCTTATTCAC ATTATTGTCG ACTTGATTTA ATTGGCCACT AACAGAATCT GCAATTGATT 420  
 TTGATTCTTG TGTATCTGAT AGCAATTGCG TACTCTTTTC AGAAATTCTA CTAATTTCTT 480  
 35 TATCTAAATT TGAAGACATC GTATTAAATT CATCATTTTT GCCTTTATCA ATTTTTGGTT 540  
 CTTGTGGCTC TTCAGCAAAA GTCTTTTTTAA CGTTTTCTAA CTGATCAATC AGCTTGAAAA 600  
 40 TATCTTCTTt ATTTTTTGTT gTATTCTTTT TGTTATTTAA AATGTCATCA ATCAGTTTGT 660  
 CTGAGTTTTT TCATTGAA TCAATTTGaT GTAACACAGC TACTTTATCG TCTTTGAAAC 720  
 TTTCCATGTC ATTGATAACT TGGTCAACCA TCATATCAAT TAAACGTTG TTGTGCAATG 780  
 45 GTTTATCTTC tCTGCCTTTT GTATCTGTGT ACATTTTATA ATGCGCATCA AACCTAGATA 840  
 ATGCACTCAA TTGCTGGCTT AATGCATCTT TCGATAAGCG ACCATCaAGG TTATGATTCA 900  
 ATGTTACATC CACAACACTC GTTGCTTTCT TATCATTGG TTCACTTGA CGATTTGCTT 960  
 50 GTCCAAATAA CAATTGTAAA TGCATTGTTT TATCTTTTAA GAAATCTTTC TCAGCATCCT 1020  
 TTTTCAATTT AGCAACGCCA TTGACTTCAA CTTTATATTC CTTGTTAGAT GTATCGAGTT 1080

	TAAAATGAGG AtCTGTTGCA ACAGTTAATT GATTAATATC ATTACTTTTA ATCGTTTCAG	1200
	TACGTTGCAC TTTGACACCA TCATTAATCA AACTACTTGT GTCTTGCGCA ACTTGGTTAT	1260
5	CGTAATCTGT TAAATTAATG TGTTCCTGCTA ACGGTTTTTT CAAATTATAT TCATTTTTAT	1320
	AACGTTTTTG TCCTTTGACA ATTGCTTCGT ATTTATTAGC TTCATCCTCA TTAAACCTG	1380
10	CAGCTATAAA GTCTTGTTA GACATGTTAT AGATAAATGT TGTATCTGTA TCAGGTTCTT	1440
	TGACAATATC ATCATGAAGT TGTTCCTCTA AGTTTCAGC GAATTGAGCA TTGTTCAATT	1500
	TAATGCTATT TAGCGCATCT TGTAAGTCTT TGTATTGTC AAGCTCATCT TGCAGTGATT	1560
15	CTGTAAATTG CTTACGATAT TCTTCAATCA TACCTTTTGA AAATGGTGAC TCTTGTGATT	1620
	GAATGATTC TCTTAATTTA TCTAAGTTTT CTTTAACAGT TTGTTTATAT TCTTCTTTAC	1680
	CTGTATCTTG CATACTTGAT TGTGATCAA TTTGGCTGTC CATCTGTTTT AATGCATTGA	1740
20	TATAGTTATC AAGTTCCACG CTATCTTTTT GCGATTTATA ATCTTGTAAC ATTTTATCCA	1800
	TCGCTGTATT GTGCTCGTCA AATAATGAAT TTGTTTTTC AATTAAAGTC GAAACATTAT	1860
	AATCTGTGTT CACTCTGAAC GTATCTGAAT TCGCACTCAA TAATGATTTA TTGTATGTTT	1920
25	GGAACCATTT TGTAATGTCT TTGTTTGCG AGAATTGAATT TACAAGCGTA TCTGTAAATA	1980
	ATTCCGGGAA GTCGTTAATT GGATTTAATA AGTAATTCGA GAATTTACTA TTCACACCAT	2040
	GTTACGCGT CATAATAGCG CCAACATTTT TTTGTGCATT ATGTAAATTA TCAATGATGC	2100
30	TTGTAAATA AATTCGACT AAGTTTTTGT TAAAGTCGTT AAGTACATTA CTTACAACCT	2160
	TTTCTGTGTT TTTAGCTACT TCTTCTTTTT GTCCTACAGC TGTTTTATAC TGTAGCGATA	2220
35	TTTTCGATGG TGTTTTAGCG TCTAATTGCA TTGCCAATTT TGAAAAGTTT TCTGGGATAA	2280
	CAATCATGAC TTGGTATCCA CCATTTTTCA AACCAGACTC AGCAACGTTT CTTGTTACTG	2340
	TTTCAAATTT ATAGTTTTTC TCATTTGCTA ACCTTTTAAT AAATGCTTGA CCCAGCTCAA	2400
40	CTTTTTTACC GTTATATGTC GTTGGTTGAT CCTCGTTAAC AATTGCGATA TGTATTTTAT	2460
	TATTTTTATT ACTTACACTT TGGGATCCTT TTTCTGATTG ATCTCCATAT TTTGTTTGAA	2520
	CAAAAAATAT CATACTAACT ATGGCAATTA TAATAATTAA AGTGACAATT AATGCATAAA	2580
45	TCCAATTTTT CTTTTTCATG CTTATTTCTT TTCAGTTGTT TTCTTAAAAA AATGATAAGC	2640
	AAAGCCACAT TAGAAAATGT GACTTTGCCA ATTTCAGAAT GCTTATTGCA AACCGAAATT	2700
	ATTAGAAAGT TGTGGTCTT GTTCTTGAAC GGCATCAGCA GTGCTATTCA ATTGTTGTTT	2760
50	AATTTCTTCT AATAATTGTG CAAATTTTTC TACTTTAGGA CTAAGTTGTT GGAATTGCTC	2820
	TTGAAACGG CTGAAAGCTT GACCTTCCCA GTTCGCTGCA ATTTACCTT GTGCACGkGT	2880

55

	TCTGATTTCC	TCTGGACTCA	TCTTAATCAT	TGCCATAACT	AGAAACCTCC	TGAATATTTT	3000
	AAGTTTATCa	AAACTTTTTTA	GGGACACTAT	TTTTTGAAAA	AGTGCTCCTT	ACTCAAATAA	3060
5	TATATAAATT	ATTAGTATAT	GTATATAGTt	TTTTAAGTAT	TTTTAGCTTT	TTTAAAAATA	3120
	ATATATTGAA	TATAACCATA	TATTTTTTAAT	TAACCATTCA	TTTTTGTAAT	ATAAATGTGT	3180
	ATACTAAAAT	TAAATTAAAT	ACATAAAGGA	TTAAATGGTT	ATTATGAAGA	AAACAATTTT	3240
10	ACTGACGATG	ACAACTCTTA	CTTTATTTAG	TATGTCGCCT	AACTCGGCTC	AAGCATATAC	3300
	GAATGATAGC	AAAACATTAG	AAGAAGCAAA	GAAAGCACAC	CCAAACGCAC	AGTTCAAAGT	3360
	GAATAAAGAC	ACCGGCGCGT	ATACTTATAC	ATATGACAAA	AACAACACGC	CAAACAACAA	3420
15	TCATCAAAAC	CAGTCACGTA	CAAACGACAA	TCATCAACAC	GCAAATCAAC	GTGATCTTAA	3480
	CAACAATCAG	TACCATTCTT	CATTAAGTGG	TCAGTATACG	CACATTAATG	ACGCAATTGA	3540
20	TTCACACACA	CCGCCTCAAA	CGTCACCAAG	CAATCCTTTG	ACACCAGCAA	TACCGAATGT	3600
	CGAAGACAAT	GACGATGAAT	TAAATAACGC	TTTTTCAAAA	GATAACAAAG	GGCTTATTAC	3660
	AGGCATCGAT	TTAGACGAAT	TGTATGACGA	ATTACAAATC	GCCGAATTTA	ATGACAAAGC	3720
25	AAAGACCGCT	GACGGTAAAC	CTTTAGCATT	AGGTAACGGT	AAAATCATTG	ATCAGCCTCT	3780
	TATCACAAGT	AAGAACAAC	TATATACTGC	TGGACAATGT	ACATGGTATG	TCTTTGATAA	3840
	ACGTGCCAAA	GATGGACACA	CGATTAGTAC	ATTTTGGGGA	GATGCTAAAA	ACTGGGCAGG	3900
30	CCAAGCTTCA	AGCAATGGCT	TCAAAGTAGA	TAGACACCCA	ACACGAGGAT	CAATTTTACA	3960
	AACAGTAAAT	GGTCCATTTG	GTCATGTAGC	CTACGTTGrA	AAAGTTAATA	TTGATGGAAG	4020
	TATTCTAATT	TCAGAAATGA	ACTGGATTGG	TGAATATATC	GTTTCATCAA	GAACCATCTC	4080
35	TGCTTCAGAA	GTTTCATCAT	ATAATTACAT	CCATTAAATT	AATCATGACA	TCAATAAAAA	4140
	GCGAECAGTT	CGCAGTTTAC	AATTCGTAAC	ACTGCAAAAT	TGGTCGCTTT	ATTTTGATATG	4200
40	TTATTCGATT	ATAAAATTAC	AAAGAAATGT	TCTCTACATT	CCCCATTAAT	CAAAATCGTT	4260
	TACGAAAGTA	TAATTGTAGC	TATAATAATC	CAAGTCGTAA	CAACTAGTGG	CACTATCGTC	4320
	TTGAATAAGA	ATATACCGTA	TTTTTTCTTG	CGATATATAT	CCAGTACTAG	CCAAATTAAA	4380
45	ATGATTATAA	CACCAACAAA	AATAAATACA	GGATTCATCG	ATATAGCATC	TGCCTGTAAC	4440
	TCAGGTTGCA	TTCTTAATTT	AGTGATAATT	AACATCACTA	CTGAAATAAT	GAAAAAGTAG	4500
	ATACCTCTTA	TCTTTGATGT	CTGTAAATCT	AATTCCTGCT	CTTCAATGAC	CTCTTTAGAT	4560
50	TCACCCAATT	CTTTTGCAAT	CAAATAATTT	ACTACCTTAG	GTTTCACCCA	TAAACACTTA	4620
	ATTGCAAAGT	ACATAAAAAT	ATATGATCCA	GTATCCATAA	ACATTAAAAA	GTTGCTTAAA	4680

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 269:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2004 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 269:

ACAAAAAATT CACCCTCATT AATATTGAAA CTAATGTTAT CGACAGCAAC ATGTTTGCCA 60  
 TAACGCTTAG TTACATTTTT AAACCTAATC ACTTTGCCAC CTCTTTTTTT CTCATAGCAT 120  
 AAAACCGAGA TTATATGTAT GTATTCCCTA TTAAACCACG TTTATTACAA TTTTCAAATT 180  
 TAAATGATTT ATCCTTGAAC TTTTSTAATA AAATAATGAA TAAWAGGWAA TCWCCAGTTA 240  
 AGAAATAGTG TTATTTTACC TTGAATTCAA AAAAACACCC AGTAAAACAA GGAATGCTTA 300  
 CTAGGTGTCT TCACTATACT TTGGCTTTAT AATTTTGAAT CGTTCTTAAA AATGCTGGAC 360  
 AATAATGTTT TAATTTGTAA CTACCTACGC CATCMATATT AATCATATCT TGTTCGAAG 420  
 CAGGCTTACG TTAGCAAAT TCCTCCAACG TGTAATCAGA AAATATACTT ACAGGTGCTA 480  
 TCGTTAATTT GTCACCTAAC TTTTACGAA CTCTACCAA CTGACTGAAT AATACTCGGT 540  
 CAACCCCTTC AACCGTATTT ATAAATACTT TTTTCAGTCGC TTTTGTCTTA AATGGTGTTG 600  
 TGAATACTTC TACTTCATTA CTGAGTAATT TTTAATTGA AGTATCACAC ATTAATATTT 660  
 CGTCATTTTC ATTTAAGAAC CCTTTGAATC TTAATTCATC TATTAAGTGA CTTAATTCTG 720  
 ATGTTGTGTA ACCTTTCATT AAACCATGGG TTGAAATTTG GTCATAACCT TTATACTTAA 780  
 TATAATCTGk TGA CTCTCCT CTTAACACTT GAATGATAAC ACTATAACTC TCTTGTGTGT 840  
 TCATACGAGC GATGCAACTA ATAATCATCT TAGCTTCTTG TGTCATATTA TATGATTTAT 900  
 CTTGTTGAAC ACAATTACTA CATTGTTTAC ATTCTTCTAA TTTTTCATTC GGTTCAAAAT 960  
 AATGGACAAT TGTGCTTCT AGACATTTTT TTGTTTTTGT ATATTGAATC ATTTTAGTTA 1020  
 ACTTTTCGCC CATTTTATCT TTATAGTCAT CATCAGCTTG AGAGACTGTT ATAAAATACT 1080  
 CGTGTAATTT GATATCGCGT TCGCTAAATA ACAAATACA TTCACCTTTC AACCCGTCAC 1140  
 GACCTGCACG ACCCGCTTCT TGATAATAAG ATTCTAAATC TCCAGGCATA TTATAATGAA 1200  
 TAACAAAGCG TACATTGGAT TTATCAATAC CCATACCAA AGCATTTGTA GCAACGACTA 1260  
 CTTTAACACG ATCAAATAAG AAATCATTCT GCGCTTCTTC TCTTTCTTTA TTGCTCAAAC 1320  
 CTGCATGATA TATAACACTT TCAATTTTCT GACTTTCTAA GGCTTCTTGA AGCTCTTCAA 1380

CCAATATAAA TTTTGGACGT TGATAAGTAG GATTTACTTT AAAAATTAAG TTTCTACGCT 1500  
 TAGTACTCGT TTTAATTGGA TCAGTTTGAG CGATATTTAA CTTTTCTCTA ATATCTTGCT 1560  
 5 GTACTTCAAC CGTGGCAGTT GCTGTCAACG CTATTATTGT AAAATCTTGA GGTAACGTAA 1620  
 ATACTTTTGA AATAACATTT TGGTAACTCG GCCTGAAATC ATGACCCCAT TTAGAAATAC 1680  
 AATGCGCTTC ATCAAACGCG ACTAAGTGAA TCTTTATACG CTGAAGCATA TTTAAAAAAT 1740  
 10 ATCGGTTTTT AAATCGTTCT GGTGCAACAT ACAAAAATTG AATTTCTCCA TTTGATAATG 1800  
 CTTTTTCAAT ACGTTGTTGC TCTTTTTGAG TCAAACTACT ATTTAAAAAA GCAGCTTGAA 1860  
 TTCCCATCGC TTTAATTGGA TCCACTTGAT CTTTCATTAA TGATATTAGT GGACTTATTA 1920  
 15 CAATTGTTGT ACCACCTAAC mATAAACCTG GTACTTGTA GCmTATAGAC yTACCTCCAC 1980  
 CAGTtGGkAA GrCACCAAGC ACAT 2004

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 270:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2244 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 270:

30 AAAGATTGCT TGCCTTGAGG GTTTATATAT CTGACTCAAT TGCCACATTT TTATCAAGAG 60  
 TAGTTGATAA TACTCATCAT AATTATAGCT AATATTATAT TTTTTTAAAA GATAGTGTAT 120  
 GATTTTCTGG TGTGTGTTGT ATACGTCATT AAATTTCAAG TAGTCATTCT CCAAGTTATA 180  
 35 CGTATAACAA ATATTTCCGG ATAAAGTTAG AATAAAATAT TTAGAAAAAT CATTCAATTTG 240  
 CGTAAATCGCT AAATTAAGTG TTAAATATAA GACATAAGTA ATTAATTTAA TGTGATATGA 300  
 TGTATTATTA CTTTGCTAAA TAGTAGATAG AACAAAATTT GTAATCGGGA GGTAACAATG 360  
 40 GATTACGCAC ATTTAAATTT AGAACATTTT TTTGCACGAA ACGACGATTT AGATGTTATA 420  
 AGAGATCGCG CTGATTTTCGT GATGATAAAT AACTTCACTA ATGAAATGAT GTATCGTGAT 480  
 GGTCAAATTG AAGGCACGAT TGATTTAAAT CAGTACTATT ATAAAAATAG ATCAAATGCA 540  
 GCAAGTTTTA TTATGATGGA TTATAAAAAA GAAACTAAGT AAACGAACAA AAGAATTTTT 600  
 TGTTTTTTAA TACGTGAATA ATAAGATTAT TGATATAAAG GTTTTCAAAG GTTATACAAA 660  
 50 AAGATAAAAC ATTTATGATT CGTAGATCAA CGTAAAGTAA TGTGATAAA TGGTTTAAAA 720  
 CGTTTCATTT ACATTACTGT TTATTTATGA ATATGTAACA ATGCATAGAT AAAATTGTTA 780

ACCTAAGAGG TGTGGATATG AATAAACACA AGAAAGGTTT TATTTTGGGA ATAATAGGAC 900  
 TTGTTGTCAT ATTTGCTGTT GTCyCaTTTT TATTTTCTC AATGATATCC GATCAGATAT 960  
 5 TTTTCAAACA TGTTAAATCC GACATTAAGA TTGAAAAGTT AAATGTTACA TTAAACGATG 1020  
 CAGCAAAGAA ACAAATAAAT AATTATACGA GTCAACAGGT ATCAAATAAA AAGAATGATG 1080  
 CATGGAGAGA TGCATCTGCA ACTGAAATTA AAAGTGCAAT GGATAGCGGT ACTTTTATCG 1140  
 10 ATAATGAAAA GCAAAAATAT CAATTTTTAG ATTTATCAAA GTATCAAGGG ATTGATAAAA 1200  
 ATAGAATTAA ACGTATGTTA GTAGATAGAC CAACGTTATT GAAACATACG GATGATTTCT 1260  
 TAAAAGCTGC TAAAGATAAG CACGTTAACG AAGTTTATTT AATTTACAT GCATTATTAG 1320  
 15 AAAGTGGCGC AGTTAAAGT GAATTAGCTA ATGGAGTCGA AATTGATGGC AAAAAGTACT 1380  
 ACAATTTCTA TGGAGTAGGA GCCCTTGATA AAGACCCAAT TAAAACAGGT GCAGAATATG 1440  
 20 CTAAAAAGCA TGGTTGGGAT ACACCTGAAA AAGCTATTTT AGGCGGTGCT GATTTTCATTC 1500  
 ATAAGCACTT CTTATCAAGC ACAGATCAAA ATACATTGTA TAGTATGAGA TGGAATCCAA 1560  
 AAAATCCAGG AGAACATCAA TATGCTACAG ATATTAAGTG GGCAGAAAGT AATGCAACAA 1620  
 25 TTATCGCTGA CTTTTATAAG AACATGAAGA CTGAAGGAAA ATACTTCAAA TACTTTGTGT 1680  
 ATAAAGATGA CAGTAAACAT TTGAATAAGT AATTTGATAA GCTACGAGTT GTTTTTATGA 1740  
 CTCGGACATA CTAAAAAGAC GCTTTCTATC TTGTTTTGAT AGAAAGCGTC TTTTGCATT 1800  
 30 AGAGAAAACA CATTGATkGA TAAtCCCacC aATGCAAgTG GGGcAGGACa TCGATAAAGA 1860  
 ATTACTTTTT CTTTAGAAAT TAGTATTTCT TATGCATGAG TTTTACTCAT GTATTCCTAT 1920  
 TTTTAAGTAC ACATTAGTTA TAGCTAATGA TAAAGAACCA CTACATAATA AATCATTAGT 1980  
 35 GTTTTTTTAT CATTTCTGTC CCaCTCTCAT CGTGATTGA AATTTTCAAT TGCGATTTTA 2040  
 ATTTTCATCTC TTACACGTTG GAACTCTGAC CAAGGCTTGC CTGCAGGATC ATCAAATCCC 2100  
 40 CAATGTTCTT TCTTAACATT TGTTGGTAAA GAAGGGCAAT TTACGTCTGC ATCACTACAT 2160  
 AATGTAACAA CTAAATTTGA ATTTnTAATA ATATTATTAT CGGATTAAAA TCTGATGGAT 2220  
 GATTTGATAT ATCAATGCCT ACTT 2244

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 271:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1371 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

ATAAGCAATT TAATTTTGAG TCTACAATGG AGGAATTATC ATCTTTATCA GAGACTTGCC 60  
 AACTTGAAAGT GTTGGGTCAA ATTACTCAAA ACAGAGATCG TGTAGATCGC AAATATTATG 120  
 5 TTGGTAAAGG TAAAATTGAA GAAATTCAAG CATTTATTGA GTTCAAAGAT ATTGATGTAG 180  
 TCATCACAAA TGATGAATTA ACGACTGCAC AATCCAAATC ACTAAATGAA GCTTTAGGTG 240  
 TAAAAATTAT TGATAGAACT CAGTTGATTC TTGAAATATT TGCATTAAGA GCAAGAAGTA 300  
 10 AAGAAGGTAA ATTGCAAGTA GAGCTAGCAC AACTTGATTA TTTATTACCT AGATTGCAAG 360  
 GCCATGGTAA AAGCCTTTCT CGTTTAGGTG GCGGTATTGG AACTAGAGGC CCTGGTGAAA 420  
 CGAAGTTAGA GATGGATCGC AGACATATTC GAACTCGTAT GAATGAAATT AAACATCAAT 480  
 15 TGCGGACGGT AGAAGAACAT CGCGAAAGAT ATCGAAATAA AAGAAATCAA AATCAGGTGT 540  
 TTCAAGTAGC TTTAGTTGGT TATACAAATG CTGGTAAATC ATCATGGTTT AATGTTTTAG 600  
 CAAATGAAGA GACGTATGAA AAAGATCAAT TATTTGCAAC GTTAGATCCT AAAACACGAC 660  
 20 AAATTCAAAT AAATGATGGA TTTAATTTAA TTATTTTACA TACTGTTGGT TTTATACAGA 720  
 AACTACCTAC GACGTTAATT GCAGCTTTTA AATCAACTTT AGAAGAGGCT AAAGGTGCAG 780  
 25 ATTTATTAGT ACATGTCGTA GATAGTAGCC ATCCTGAATA CCGTACGCAG TATGACACAG 840  
 TTAATGATTT AATCAAACAA TTAGATATGA GTCATATTTT TCAAATAGTT ATTTTAAATA 900  
 AAAAGGACTT ATGTGATCAT GCATCAAATC GTCCAGCAAG TGATTTGCCT AATGTTTTTG 960  
 30 TTTCTTCTAA AAATGATGGT GATAAATTAC TTGTTAAGAC GTTATTTATT GATGAAATCA 1020  
 AAAGGCAATT AACTTATTAT GATGAGACAA TTGCGACGAA TAATGCAGAT CGATTATATT 1080  
 TTCTAAAACA ACATACATTA GTGACTGAAC TTAAATATGA TGAAATTGAA AATGTTTATC 1140  
 35 GTATAAAAGG ATTTAAAAAA TAATAAAAGG ACGAAATTCA AATGAAAGAT ATAAGTAAGA 1200  
 TAGTAGCTGA CGTCGAATCA ACGTTAGCAC CATATTTTAA AGAAATTGAA GAAACAGCAT 1260  
 40 ATATTAATCA AGAAAAAGTA TTAAATGCAT TTCATCATGT CAAAGCAACC GAAAGTGATC 1320  
 TACAAGGATC AACAGGATAC GGGTATGATG ACTTTGGACG TGATCATTTA G 1371

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 272:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6035 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 272:

55

	CGTAAACCTA TCGGTTTTAA TATTCTGAAG TTAGTTAGTT CATCCTCAGT TTCATCCATT	120
	TGTTTAATAT AAATAATACA TCCAGCTGCT ACTAAAAATG CTAATCCTAA AAATGATGTA	180
5	ACAAATATTA GAATACCGTT AGTAGCATcG ACCTCTTTTT TCATTTTCATC ATACGTGATG	240
	ACITTTGTCTC CAAACTGTTT TGCAATTGCT TGAGCTTTTT CCTTTTGTGA TGTTTGTTTA	300
10	ATATCATATC CATAAAAAGT ATGAACGTTA TTTTGTGTTT TCAACTGCTG ATACTTTTCA	360
	GGACTTACTT CGATGACAGG TGAGTTGAAG CTTAGATTTA AAGGATAAAC CTTACCTTTG	420
	TCTTCTTG TG TACACGGAAA GTTTCATTCT TAGTACCTTT TACTACTAAA TCTTTGTTTA	480
15	AATGGATATT AATAATGTTA GGCAGCGATT TTGTATTTGT AATGATGGCA TTGTGCCTG	540
	TAACTTGTT ATTTGCACTT AAAATAGAAT TCGTGCGACC TGAATCACTA CCATTTTCCA	600
	AAGTAATAAC CTGATCATTACATTATCTA CAGTAATAGT TTCGTAAGCA TTTTtagAAA	660
20	ATGTAATTG TTGTTGGCTT AGTTTAGTTT CAAATTGTTT AGCATCTTGA GTAGCGACCA	720
	CGTTAAATTC ATTTGGTGCC ATAGATGTAA GGGTTTGATC TGTATTTGAT TTAGATAATG	780
	CCGCAAAACA CAATACAGTT ACTGTAAGT CAGAAATAAT TGCAATGATA GTTAAAGACA	840
25	TGGCATTITT CTTCATTCTG TACATAATAG ACGATGTGAA TACAACATCG GTAATAGATA	900
	CGCGTCCATT TTTTGATTTT TTCAATGTTT TAAAAATAAG TGACACGGAA CTTCTGAAGA	960
30	ATAAATAGGC GCCTACAACC GTTAAAAATA AAATGATAAA CCGTGATGTC ATAGCCATAG	1020
	TTAGTGCTTT GAACGTACCA AACATTTCTG TCGCCATATA ATAGCCTAGT GCAATCATAG	1080
	CAATACCTAA TACGCCTGAA ATAACCTCTG CAGTCGTTAC TTTAGCAGTT GTGGCATCAG	1140
35	TTTAATTGA ATCTTTTCATC ATTGATAAGA TACTACGTCT TTTTAGAAAT AAAGCACTTT	1200
	GAAATAAAAT CAGTACATAC GCAATAATTA GCATGAAAAT AGTTAAAACA AGGGCCATAG	1260
	GTTGGAATG TATCGATAAG TTAATCGATA ACGACATCAA TTTAGATACT ATGGAAAGCA	1320
40	ATAATTGTGC ACCTGCAATG CCACATAATA CACCGACAAC ACCTGTGATT AAAAATACGA	1380
	TCATTtGTTT AAGTGCTAAC ATTTnCAAAA TGTTTTGTCTG TGTTAAACCA ATCaACTGAA	1440
	ATAGCGCAAA TTCACGTGTA CGGCGTTTTA CGrmTAAATG ATTGGCATACT ATTA AAAAGA	1500
45	TGACAATAAT GATAAATAAA AATATTGATC CGACTAAAGC ACCTTTCTTA ATGATGGCCA	1560
	TCGAGTCGTC ATTATTTACA CCTTTAGTAA ACTGTAAGGT TGTA AAACTG AAATATAAGA	1620
	CGATGCTAAA AAATAATGAA AATAAATACA TTGCATAATG TTTTAAGTTT TGTCGTAAGT	1680
50	TTTTGAAAAC GATATGGTTA AATGTCATTT GAGACACCAC CTAATACTGA TTGAAGATGT	1740
	ACAATGTCTT CATAAAAGGC CTGTTTAGAA CGTCCTTCCT GATAAAGTTG TGTATGAATT	1800

	ACCATGACAA TAGTTGTATC AAACGATTTA TTCATTTCTT CCAAACGTTG TAATAGGTCA	1920
	TTTGCACTTT TCGAGTCGAG TGCGCCTGTT GGCTCATCTG CAAATATGAT TTGTGGTTTG	1980
5	TGAACAAATG CTCTCGCTGC TGCAGTTCTT TGTTGTTGAC CACCAGATAA TTCGCTAGGG	2040
	TATTTATTTT CTAGGTCATA AATACCTAAT GCTGTCGTGA TCGCTTTATA ATTTTCTTCC	2100
	ATTGTTGCCT TCGACATTTT TTGAACAGAT AAAGGTAACA TAATGTTTTT TTTAACGGTT	2160
10	AATGTCGGCA GAATACTGTA ATCTTGGAAG ATGAAACCTA ATGATTCTTT GCGGAATTTG	2220
	GCAAGTGCTT TTTGATTAAAG TTTATTAAGC TCTTGTCGGT TAGCAATCcg cTACCGCTAG	2280
15	AAATTTGGTC AATTGAACTT AGTACATTTA ATAAGGTTGT CTTACCTGAT CCAGAAGGCC	2340
	CCATAATCGC AACGAATTCG CCTTTTGTGA TGTCAAAGTT AATATCTTTA AGTGCTTGAA	2400
	ATGTGTGCTT TTTACCGTAT GTTTTTGAAA CATGTgCACT GATAATATCG TCATAGTCTC	2460
20	ACTCCTTtTG TATTTAATTT CATTTTAAAT AATGTTTGA GTAGTAGCCT TTATCTAAAC	2520
	TTACAATTCA ATGAATGAAC CTTACAGAGT TGAAArctAT CGCTACTTAG TAGATTTTTG	2580
	AGTGAGGATA CAGATTCATC GTACATATTA GACAAAAGCA ATGGTGCTTT CTAAGTGATG	2640
25	ATGTTTGTGT AAATTGAGAA AAGGGAATTT AATTATTGTA TAATAAATTT TTTGTAAAAA	2700
	TTAAAAGAGG GTTTTATTTG AAAGGAATTG ATTGTTATGG AAAAAGGAAA TCAAGGTATT	2760
	AAATGGTCTA GTTTAATAAT GGGTGTATTA TTATTAATGT TGGCAGTCGT TATTTTTTACA	2820
30	TTTCCAATTG AAAATTTTTT TGCTATTACC TGGTTGATTG GACTGTTTGT ATTAATTAAC	2880
	GGTGTGATTC AAATCGTTTA CCGTAGAAAA GCAAAAGCTT TAGTAGGTGG TAACCAAAAT	2940
	TGGATTCTGT TTATGGGGAT TGTAGATATT CTATTTGGTC TATTAGTTAT TTTTAATGTT	3000
35	GGCGCAAGTT CAGCATTCTT TATTATATG TTTGCTTTTT GGTTTATTTT TAGTTCTATC	3060
	TCTGGATTAT TTACGTTTTT GGGTAGTGGT AGCTTAAAC TAATTTCAGT GATTTTTAAT	3120
40	TTATTAGGTA TTGTTTTCGG TGTCATTTTA TTATTTAATC CATTAAATGGG TATCGTCTTT	3180
	ATTTTCGACGA TGATTGCTAT TGCAATTGTA TTCGTAGGTG TCATTTATGT TGTAGATGCA	3240
	CTTGCTTAAG TAAAATGAAG CGGTTCAAAA GAAGGGTGTG ACATGAAGTT TGTGTCATAT	3300
45	CCTTTTTGTT GTGTTTATGA AGCATAAAAA AGGGGCGCTA CCTACAATAA GTAAGATACG	3360
	CCCATATTTT TATATTTTAC TATTATTGTT TTTCAATACG ATTAATAGTT ACATTTAGTC	3420
	CAAAATATTT TTCTAAAAAA TGTTTATAGT TATCTTTAGT GACATCAAAT TTTTCTGAGC	3480
50	TACCATTCCCT TGTAAAGTT AAATGATTTT CAGACATTGT AGCACGGCCA AATGATTGTG	3540
	GCATTGTAAT TAATAAATGC TGTACAAATA TTGAATCTGG ATGCGTTTGA TTATATTCGA	3600

55

	AATGATCATT TTCGAATTTT TGAACATAGA AAATATCCTT GTCTTCGTTG TTAAAAATAG	3720
	CGCGGAATGT ACCACTGATA TCAGTAATTG GTTGTGTATG CTCAGATGAA GTAATAGGAA	3780
5	TGGCATGTAG AGGTAAGTCT CCAAAGCCAA CATCAGTTAC ATAGAATACA TCATTTATAG	3840
	AAACAACAAG TGAAGCATGT GAACCGTTCA GACTACGACC GCCACCGGGw GTGTGAATAG	3900
10	TAGCTGACAT TAATTCAGGA TTAAATCCTT TTTGTTGTAA ATAGGCTTTG AAAAATGTAT	3960
	TTAATTCATA AAAAAACCA CCACGTTTAT CATGAACAAT TTTATTAAAA AGTGCATCGA	4020
	TATTTATAGA TATCGGCTTA CTATTTTGAA CATCAATATT TTCAAAGGT ACAGTTAACA	4080
15	TAAAACGTGT TGCATAATAA TTTAATGCTT CAATACTCGG TCGATTATAA CGAGATGAAT	4140
	CAATTTGTAA ATAATTCTCT AACTTCGCAA TATTCATAAG CATAGCGCCT CCTGTATTAA	4200
	AGATTATAAT TAAATTTTAA ACAGAAATAC TGAAATTTTA AATTCGAAAG CATTGAATTT	4260
20	TGGATAAATA CATTTTAAAT AGAAAAATAC GCTCTCAAAA TGAAGTCATC TCTAAAAGAA	4320
	ACGATTTAAA GATGACTACT GAGAGCGTAG CATAATGGAA GAAGTGTGCA GGGTGTCTAA	4380
	AAATGCAACA ATACAAAGGT AGTTGCAAGA CAAGTTGCCT TATCTAGACC ATTGTGTTC	4440
25	TATGCGACCA AACTTCCAAA TTAAACTTGA AATAAGCCAA GTAATTAAAA ATAATGCAAC	4500
	TAAAATATAG CCTAAATAAT CAAATTCGAT CGAACCAATG AATGCCCAAA ACGCACCATG	4560
	TAAATCTAAC TTATCAGCAA GAATTTGTAG CAATTCAATC ATCCCAATCA CTAATGCTGC	4620
30	CATGACTGAT ATCGCAGTAA TCGTTATATT GTAATAGATT TTGCGAATAG GATTGAAGAA	4680
	TGCCCCAATTA TAGGCATACT TCATTACAAC ACCATCTAAT GTATCCAATA AACTCATACC	4740
35	TGATGCGAAT AAAATTGGTA AAGATAAGAT TCCGATAAAT GAAATGGCTT GTTGTGATGC	4800
	GCCTGAAGAA AGAGCGAGTA ACGCAATTTT ACTAGCTGTA TCAAAACCAA GTCCAAATAA	4860
	AAAGCCAAGT GGCAATACGT GCCAACTACG CGTGATTAAT TTGAAATAAG GTCCTACAAA	4920
40	TCGAGAAACC AATCCTCTAG ATTCAAGTAA TGCATCGACT TCAGCTTCTT CAATGTGTTC	4980
	ACGACGTAAT TTAGCGAACA AGTTAATTAA AGAGATTAAA ATAATTAGAT TCAACACACC	5040
	GATAAGCACT AAAAAGAAAC CTGAACTAG TGTACCAATC GTTCCACCAA TATCTTGGAA	5100
45	ATGCGGTAAT TCATCTTTAG CCCATTTTAC AGATACCCCT AAAAAACAG CCATTAAAAA	5160
	TACGACAGAT GAATGTCCAA TTGAAAAATA GAAACCCACA CCAGATGGAT CTTTGCCTTG	5220
	CTGTAATAAT TTGCGaACCG TATTATCTAT TGCAGCAATG TGATCTGCAT CAAATGCATG	5280
50	ACGCAAACCT AATGTATATG CAAGAATCCC CaTACCAAAT AAGATATGAT GGTCTTTTCC	5340
	AGCAATCCAT AAAAACTAA ACCCAATAAC GTGTAACAAA ATGACAATAG CTATGTATGG	5400

ATATTTAATC ATACTGTATG TTCAATGGGC ACTCTAGTAA TAAGTGTTCA TATAACAAAA 5520  
 ATGTTATGCC AAATTATTTG TTATATAAAA ATATACATGT AACCACAAAA GATTTTTTGC 5580  
 5 GATATATATA ATTTGATAAA TTAACCAACA ACAATGTAAG ATGTCACTTT GCTTAACTTG 5640  
 GCATCCTTTT TATGATTTTC AAATTCAAAA AAATGAGCAA AATGAATCTC TTAcCAGTT 5700  
 TTTAATATTT CaATACCATG CATGGAACCT AAGCACCCAT GTGTGATGCT GGAATGGATA 5760  
 10 TTGAGACTAG CAACCTGATT GTAATGATTA GATAGTTCCTT GAATTAATAT TTGAGGTCCG 5820  
 TATATGTCAA AGCGGCCAGG GACAGACCAA ATAAATTCCTG TTGTAACCAG TGAACGTAAT 5880  
 AATTCAATAT CTAATGCTGC TGTAACAACT ATAAAATCTA TCATTTGTTG ACGTTTAGGC 5940  
 15 GCATGATTGC ATGACACATC TCCTGTTAAC TTAAAAGGTA ATGATGACTG AACTTCCGTT 6000  
 TTAAAATGTA GTTGGTGCTG AAATAAAGCT TGTTTC 6035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 273:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1039 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 273:

30 TTTTGAACAG CCATATTTAT TCACCCTCAA CATCATTATA ATGGTATTAG TCGCATTACC 60  
 TTCACTTGTT TTAGCTATAT ATGATTATAT GAGTTTTAGA ATTTCTTCTG CTATTTTACA 120  
 ATTTCTAGGG GCTATCTCTT GGTTCTTTTT ATCATTGATA TTATCGCTCA CACAATTTAC 180  
 35 ACCTTTTACA TTAGCGTCAT TTATAACTTC AATTATTTTG TTCACAAGCA CAATTATCAC 240  
 ATTAGCCATT GGTGGTAAGT CTGTTGAAAA GAATGATTCC CCTTAAATTC CAAATGAAAA 300  
 AAAGGTTCTG AAGGCCGCTA TAAAACACAG TTTTTCAGAA CCTCTATACT TCTATTCAAT 360  
 40 GATATATGGT TTGCAATTTT CTACCTTTAA ATCCACAGCT TCTGCCCTTG AAACTTTGTT 420  
 AAAATAAACC ATCAAACAAC GAATGACAAC TTGATGTGCA ACAATGACAA TATCATCTTT 480  
 TTGTGTATCT TCATTGACAA CATGATTCAT AAAATGTTCT ACGCGTTGAT ATACATCTTC 540  
 ATAACCTTCT CCTTCAGGCG CTTTTTGTGA AAAACTATGA CGAAAGTCTT TAAAGTTTGG 600  
 ATCATTGAAA TATTTTTCAT ATTTCCGATT CGCACTGATT TCATCTTTAT ATTCACCCTC 660  
 50 AAATACGCCA AGTGAACGTT CTCTTAATAG AGGGGTAGTC GTTGATGCAA TGTCATATGG 720  
 AAAAATATGT TCAAACGTTT GCTGTGTTCT TAATAAGTCT GAAACATATA CATGTTTAAT 780

CGGCACATCT AATTGTCCAC AAAAATAAGA TCGAAAATGT TTATTATCAT AATTGCGATTT 900  
 TGATTCGCCA TGTCTAACTA AATAAATCGT CATAATATTA CTCCTTACCT TATGTATTTT 960  
 5 ATATCTACCA TAACACTTTG ACTACTAATT CGATATCAAT CTTAATATTC TATTCTAAAA 1020  
 AAAGAATTAA TTCATATnT 1039

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 274:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1496 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 274:

20 GAGAGAATnT GCAATTAGTT ATTCAATTAG TTGATTTAAG ACATGATCCA ACACAAGATG 60  
 ATATCTTAAT GTACAATTAT TTGAAACATT TTGATATTCC TACTTTAGTT ATATGCACTA 120  
 ArGAaGACAA AATTCCaAAA GGTAAGGTyC AAAAGCATAT TAAAAATATT AAGACACAAT 180  
 25 TAGATATGGA CCCAGACGAT ACAATTGTAA GTTATTTCATC AATTCAAAAT AATAmACAAC 240  
 AACAAATATG GAATTTAATT GAACCGTATA TTTCATAGTT TTTGTACGTC AAAACTTATA 300  
 CAAAAATTTT AAAAATAATG TAAGCACGAA ACTTTTAATT AGTACACAAT TGATAACATT 360  
 30 TTTCAACGTT CATCATTTTG TCAAAACTC AAAAGTAAAT TAGAAAGATT ATAATTTATT 420  
 TAAGCATCGT ACTTAATTGG ATTTTAAATT ATGTTATAAT ATTTGTATTG TTAGTATATA 480  
 TGGGGGCTTT TCAAATGCAT TTTATTGCAA TTAGTATAAA TCATCGCACA GCTGATGTgC 540  
 35 ACTAAGAGAG CAAGTTACTT TTAGAGATGA TGCCTTACGA ATTGCCCATG AAGATTTATA 600  
 TGAAACTAAA TCTAyTTTAG AAAATGgTCA TATTaTCAAC ATGTAATCGA ACTGAAGTAT 660  
 ATGCTGTTGT TGATCAAATT CACACAGGTC GTTACTATAT TCAACGATT CTAGCTCGTG 720  
 CATTTGGATT TGAAGTAGAT GATATTAAAG CAATGTCAGA AGTAAAAGTG GGGGACGAAG 780  
 CaGTAGAACA TTTATTGCGT GTCACCTCTG GTTTAGATTC AATCGTACTT GGAGAAACTC 840  
 45 AAATTTTAGG TCAAATAAGA GATGCATTTT TCTTAGCGCA AAGCACAGGT ACGACAGGrA 900  
 CAATTTTAA TCATCTATTT AAACAGGCAA TTACTTTTGC AAAAAGAGCA CATAATGAAA 960  
 CAGATATAGC TGATAATGCT GTAAGTGTGT CTTATGCTGC GGTGAGTTG GCGAAAAAAG 1020  
 50 TATTTGGCAA ATTGAAAAGT AAGCAAGCTA TCATTATTGG TGCAGGGGAA ATGAGTGAAT 1080  
 TATCACTATT AAATCTTCTT GGTCTGGAA TTACTGaTAT TACAGTAGTA AATAGAACAA 1140

	TACCAAATTT ACTTGAAAGT GCAGATATTG TGATTAGTTC AACGAGTGCA CAATCTTATA	1260
	TCATTACAAA TGAAATGATA GAAAGAATTG CAGAAAATAG AAAGCAAGAT TCACTAGTAT	1320
5	TGATTGATAT TGCAGTTCCT CGAGATATTG AACCTGGTAT TAGTGCCATC ACAAACATCT	1380
	TTAATTATGA TGTGATGAC TTAAGGTT TAGTTGATGC AAACCTTACGT GAGCGACAAT	1440
	TAGCGGCTGC AACAATTTCTG GAACAAATTC CTACAGAAAT ACATGCACAC AATGAG	1496

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 275:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4826 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 275:

	CTTGATTTTT TCCCTTAGT ATTTCCaTt TGanTGTCGC AGCTTCTAAA TCCTGCTTTG	60
	GTTCTCTAGT GAACTTCATA ATTAAAGCAG CTACAACGAA' TGATACAAGT GCAGCAAGGA	120
25	AGACACCGAG TAACATGTGC AAGAATTCAC CTCTAGGTGC ATTTAAACAG TAAACTATAA	180
	ATGAACCTGG TGACGCGGGA CTTTTAAATC CAAATCCTGT TGCTTGATAA GTTGCAACAC	240
	CAGTCATTCC ACCTAAAATA ACAGCGATAA ATAATAAAGG ACGCATTAAAT ACATATGGGA	300
30	AATAAATTTT ATGAATACCA CCTAAGAAGT GGATAATTCC AGCACCATAT GACGTTGCTT	360
	TTGCAGTGCC TTTTCCAAAA ATCATATAAG CAAGTAAGAT ACCTAAACCT GGTCCAGGGT	420
	TAGATTCAAT TGTGTATAAA ATTGATTGAC CAGCTTTTGC AGCTTGATCT GCACCAAGCG	480
35	GTGTGAATAC ACCATGGTTA ATCGCATTGT TAAAAAATAC AATTTTGTCA GGCTCTACTA	540
	AAAT <sup>1</sup> ACTTAC AAGTGGAAGT AGGTGTGCAT GTACTAATGC TTCAACTGCC ACTGATAAAA	600
	TATGCATAAT AAATTTTATA AGTGGTGCTA AAATTTTAAA TCCTGCAATC GTCATGATAA	660
40	ATCCTAAAAT ACCAGCAGAA AAGTTATTAA ATAACATTTT AAAACCTTGC GGC GTTCTAG	720
	GTTGAATCAA TTGGTCGGTC TTCTTCATTA ACCAACCAAC AAGTGGACCC ATAATCATTG	780
45	CACCAAGTAA CATTGGTGTA TCAGGTAATG CAACGATGAC CCCCATAGTT GCTGTTGCTG	840
	CGATGATACC ACCACGTAAA TCATAAATTA AACGACCACC ACTAAATGCG ATCAATAATG	900
	GGATTAAATA AGTAATCATT GGTCCTGCTA AAGTAGCTAA ATCTTTGTTA GGTAACCATC	960
50	CATTATCTAT AAAAATGGCC GCGATAAAAC CCCAAGCGAT GAAAGCGCCA ATGTTTGGCA	1020
	TGATCATACT ACTTAAGAAT GATCCAAATG CTTGAACACG ACGACCAATT CCTTTTTTCT	1080

	GAGAGGTTAC TTGTTACTCA ATATAAACAA AAATCAACTT TGTCAAAATA AATGTGACAA	1200
	AATTAAATAA AGTGTGTCATCA ATGTGACAGT ATAGATATTT TGAAAAAGTA AAACAAAAAA	1260
5	ATTGTTTTAG GATTTTTTAAA ATTTTATTGT GAAAATATTT GCAAAACAAA ACAACACCGT	1320
	GTACAATAAT GATTAATGGA AAGGGGGAAA GTTCGGCAGT ACAGTTAAAG CGCCTGTGCA	1380
10	AATAAATATT TGTATTTGAA GATTAAAGGT TAATATATGA GTGGCCTTTA TAGAGTGCAA	1440
	TATATGTATT TGTAGACGAG GAGGATAGTG ATCGAATAGA TCGGCCGATG CTATCCCGGA	1500
	TGTGGCTCAT TCGTTAGCTT ATTAAGTAAA ACATTAGGGT GACTTAATGG ACAAAGTTAA	1560
15	TAAGATCGCC AGAAATTGAA TATAAAAAAT ATTAATATGG AAAGTACAGT GTGAGCAATT	1620
	TGTATAGTTG TAAAAATAAC TATGCTTAAT TTGTTATGGA TGAATGCGAT GATAGCATGT	1680
	TCCTATTTAT ATTATGAAAG CAGATTGTCA ATCTAAATTA TCGGCAATAA ATCATAATTT	1740
20	ACGCGTACTA TTCCAATATG GAGGAAAATG TCGTTATGTG TGAATTGTT GGTTATATTG	1800
	GCTATGaTAA TGCCAAAGAA TTATTATTAA AAGGTTTAGA AAAATTAGAA TACAGAGGTT	1860
	ATGACTCTGC AGGTATCGCA GTAGTAAATG ATGATAATAC AACTGTATTT AAAGAAAAAG	1920
25	GTCGTATTGC AGAATTACGT AAAGTTGCTG ATAGTAGCGA TTTTGATGGA CCTGTTGGAA	1980
	TCGGTCACAC ACGTTGGGCA ACACACGGTG TACCGAATCA TGAAACTCT CATCCACATC	2040
	AATCATCAAA TGGCCGTTTT ACTCTAGTTC ATAACGGTGT TATTGAAAAC TATGAAGAGT	2100
30	TAAAAGGTGA ATACTTACAA GGTGTATCAT TCATTTTACA AACAGATACA GAAGTTATCG	2160
	TTCAATTAGT TGAATACTTT TCAAATCAAG GACTTTCAAC TGAAGAAGCA TTTACAAAAG	2220
35	TTGTGTCAAT ATTACATGGT TCATATGCAT TAGGTTTATT AGATGCTGAA GACAAAGACA	2280
	CAATCTATGT TGCTAAAAAT AAATCACCAT TATTATTAGG TGTGGTGAA GGTTCATG	2340
	TTATGCGATC AGACGCACTT GCAATGTAC AAGTGACAAG CGAATATAAA GAAATCCATG	2400
40	ACCATGAAAT CGTTATTGTT AAAAAAGATG AAGTTATTAT TAAAGATGCA GATGGAAACG	2460
	TTGTAGAACG TGATTCATAT ATTGCTGAAA TTGATGCATC AGATGCTGAA AAAGGTGTTT	2520
	ATGCACACTA CATGTAAAAA GAAATTCATG AACAACCAGC AGTAATGCGT CGTATTATTC	2580
45	AAGAATATCA AGATGCAGAA GGTAAGTTGA AAATTGATCA AGACATCATC AATGATGTTA	2640
	AAGAAGCAGA CCGCATTTAC GTTATTGCAG CAGGTACAAG CTACCATGCA GGTTTAGTAG	2700
	GTAAAGAATT TTTAGAAAAA TGGGCTGGCG TACCAACTGA AGTACACGTT GCATCAGAGT	2760
50	TTGTCTACAA CATGCCATTA TTATCTGAAA AACCATTGTT CGTTTATATT TCTCAATCAG	2820
	GTGAAACTGC AGATAGCCGC GCCGTATTAG TTGAAACTAA TAAATTAGGT CATAAATCAT	2880

	TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG	3000
	TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT	3060
5	TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA	3120
	TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCTTAG AAACAACACG CAATGCATTC TTTATCGGAC	3180
	GTACTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA	3240
10	TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG	3300
	AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCGTGGTA	3360
	ACGTTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGCAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG	3420
15	AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCTCTC ATGTACATGA ATTGTTAACG CCATTAGTAT	3480
	CAGTGGTTGC ATTACAATTA ATTTCTACT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG	3540
20	ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACTTTT TTAGAATCAA	3600
	TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTITAGATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT	3660
	TTTTAGGTCG ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT	3720
25	GTTTTATTTA TTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTTAT GTTAATATGA TTTTATGAGA	3780
	AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC	3840
	GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA	3900
30	AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTTAAATG	3960
	CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGTTA ACCTTTTCGG TAAAATGCCA GGCAAGGTAG	4020
	GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAGTGGAAA	4080
35	AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG	4140
	GTGTTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG	4200
	TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC	4260
40	GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCAGGT TTTAATTTTA GATGAGCCAG	4320
	CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG	4380
45	ATTCATATCC AACGCTTGCG ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAAGTCTA	4440
	ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG	4500
	ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT	4560
50	GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA	4620
	TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA	4680

55

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800  
TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 4846 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

GAATAAAAAG TAAATTACT CGCCTTTGTT ACCTTTTACT TTATCAATaA AATCAGTTGC 60  
TTTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCTTT CGCTTTACCA GAAGCTTTAT CTTCTTTACC 120  
TTGTTTTTCT AAATTTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTAA CATTACCTTT 180  
TGCTTGTTCA AATTACTTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT 240  
TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TTACTTAAAT AATTTTGTAT 300  
ATTGATTTGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACCT GAGGGAGTGG 360  
GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA 420  
TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCAGCA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA 480  
GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAAGCCC AGCAACATCA 540  
CGTTACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTCA 600  
TTAATGAAGT CTTGAATATC TTTAGATTGT AATACTTCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA 660  
TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTCGCACTT 720  
TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATTT AGTTTTTGTT CGATTGCAAA GTTCGAATTA 780  
ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT 840  
TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTATTC TCTGTAATAT CACTAACTT AGCATCTTCA 900  
ATTTTACGC CTTTTTGAT TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT 960  
CCTTGTTTCA GCTGGATTAT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTTGGTAA TTCTTTTAAA 1020  
CTTTTATACT TTTTAGAGTA TACAGCCATA GGTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTACG 1080  
ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT 1140  
GCGTCAATTT CACCTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGTAATCGTT AATTGTTTAA 1200  
ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTCTAA AATTCAGCA 1260

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTTCTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGctGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
20	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTTCAT TTATAATTTT ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAAC TTGTCGCTCA ATTAACCTT TTTCGAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTTGTATTT	2220
	TTAATATTTG CTCTCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCACAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTCA	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTTCTCTAA TTTTLAGTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTTATCTG TTGTTTTCGG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCAA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CTTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
45	GCTTAGCTCT CTTCTAGGG ACACCTGCAA TTTCAAGCGG AAACATAATA TTTTTTAAAC	2820
	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTTG	2880
	CTCTTAATCC ATTTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTTCT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060

55

	TTCTCCCTG TGTGCTTAA TAAAATAAAA AATGCTTCT CAATATCGAT AGAAAAATTG	3180
	AGAAAGCAAT AGTAGTATTG TTTCTCTCAT CTTCAAAAGT TAAACTTTA TGTGAATTGG	3240
5	CACCATTCT ATATAAGACG GTTGCCGGGC TTCGTAGGGC ACATCCCTCC ACCACTCTCG	3300
	ATAAGAGTTT ACGCATCATT TAATTTGTAT TAATCCTAAC ACCTTAGTAA AATTCGTCA	3360
10	ATAACTATTT TAAATTTTCT AACAAATCAG TCACCGATTT AAATGCATAA ATTCGTTTTA	3420
	CTTCTTTATC TTTATTCATC AACAATAAAA TCGGCGTAGA CATGATTTGC ATATCTTTAC	3480
	AAAACGAGG ATAAAAGTTT AAATCTATTT TCAATAATGG TAACTGCAAT ATTCATTAG	3540
15	CAATGTCTAA CATCTTTCT GaAACCTTAC AAGTACCACA CGTTGGTGTA TAACCAAAGA	3600
	TTAAATGTTT GTCTTCCTCA TAAATGTAG TTACATCTTT GATGTCTAAT GAATTATTCA	3660
	TTTACTAAAA CTAACCTTTC ATTATTTATA TTCGGTAAAA GAGGTGTTTC TTTCTTACAA	3720
20	GTAAAGCCAT GTTTTGAAAG TACATGCGCC AAATATTGTT TGGGGCAATT CGCAACTTGA	3780
	CAGTAAGTTT TATCAATAAA TATATGTTCA CTTTCACTCA AATAACGTTT AAACCAATTT	3840
	CTAATTCGAT CTCCTTCGTC ATCAGAATCG GCTAATACAA AAACCTGTTT ATCATACAGT	3900
25	GATTCTATCA TATCATCAAG CTTATCTATA CTCATTGTTC CATGAGTACA AATAATATTG	3960
	ACTGGTCTG CAATAACCTG TTGCACCCTT TTTTATCAG ATTTTCCTTC AACAATTATC	4020
	ACTTTATTTA CAATAGCCAT CATCATCACC CTTTAAAATC AATAAACATC TGTCACTGTA	4080
30	TCATTCACA AAATTGGTAT GAATAAAACA TAAATCACAA AAAATTTAAA CTAGCTTAAT	4140
	ATAATAATTA CAACTCAAT GTTGACTAG CTGGAACATT TAACATAAGC AGACAAAGGC	4200
35	TAAGTCAAAA ATCAACATCC TAAAATCTAC AATGTTATAT TAACAATAGT TAACCAAAG	4260
	AAAATACACC TATAACAAAC TTTTCAATTA TAGCGGGGCC CCAACACAGA AGCTGATGGT	4320
	AAGTĒAGCTT ACAATAATGT GCAAGTTGGC GGGGCCCAA CATAAAGAAA TACTTTTCT	4380
40	TTAGAAATTA GTATTTCTTA TGCATGAGTT TTAATCATGT ATTCCTATTT TTAAATACAC	4440
	ATTAGCTGTG GCTTATGAAA ACAGGCTGGG ACATAAATCA ATGTTCTATG CTCTACGAag	4500
	TTATATTGGC AGTAGTTGAC TGAACGAAAA TGCGCTTGTA ACAAGCTTTT TTCAATTCTA	4560
45	GTCAGGGGCC CCAACACAGA GAATTTGAA AAGAAATTCT ACAGGCAATG CAAGTTGGGG	4620
	ATGGGCCCCA ACAAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTG	4680
	GGACGACGAA ATAAATTTTG CGAAAATATC ATTTATGTCC CACTCCCTAG ATTGATCTAT	4740
50	AGATACTACA CTTATTAAAG TAATATATTT TTATGATTCT CTTAGCTGCA ATCCCATGAA	4800
	TACATGTAAT CATCAACTT CATAGCCTCA AGGTCAGTAG ATTTCA	4846

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1843 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

	AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG	60
	GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT	120
15	AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCGTGTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT	180
	ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT	240
	TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG	300
20	GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA	360
	AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA	420
	TCAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTTA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA	480
25	TATTTAACTA ATGGTGAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA	540
	ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA	600
	GGTTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT	660
30	GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAACTAAT TTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT	720
	ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT	780
35	TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAACTT GGGAGACTTC AATAACAGAT	840
	TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC	900
	CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT	960
40	ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT	1020
	CCATTCAAGA AGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA	1080
	AGAGAAGGAC AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAAC	1140
45	GGAGwAATTA TTAGTAAAGG TGAAYCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAATGAA	1200
	TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG	1260
50	TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA	1320
	GGAGAYGTAG TTAGACCACC GGTGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC	1380
55	TCGATTGTAG AAAAAGAAGA rATTCCATTC rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA	1440

	CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA	1560
	ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT	1620
5	CATCGAGACG AATTTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA	1680
	CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA	1740
	AAATATGGgA CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGarGAATTc CaTTCaGGAA	1800
10	AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC	1843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 8536 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

	TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA	60
25	CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA	120
	GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCa AATTATACTG	180
30	TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC	240
	CAACTTTTCA TATAAACAGA AGATACTAGG GGGAAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA	300
	ATCACAACTG TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG	360
35	CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT	420
	AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCAAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT	480
	GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTc GCAAAGTAAA	540
40	ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTGACCA	600
	ATCCTTTTTT ATATACAAAA ATTCTTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCCGCCAT	660
45	AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaaATG TAATAGGaAT TCATTATATA	720
	TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTAATTGGTA AGCTGGTACC	780
	GTTCTGTAAG TTAAATATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA	840
50	CCATCGTTAT TTACACGTTT TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA	900
	GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTCG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA	960
55	TCCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTT AGCACGACGA	1020

	GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT	1140
	ACTTTCAATT TTTGACCCGG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTAA GCTCATAATT	1200
5	TTTGTATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGTA	1260
	GTATAGTATG ATCCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA	1320
	CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT	1380
10	AAACCATTAA GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTACCAT ATTTTGATGC GATTAATGAT	1440
	AATGAGTCGC CTGCTTGTA TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG	1500
15	CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGGTT TGGGAAAATT	1560
	AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT	1620
	GAAATTGCC ACACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA	1680
20	GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTTGC	1740
	ACTTTAAAT CCTCCTCTTG CTTAACTTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA	1800
	CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA	1860
25	CAAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAT TATTACAACT	1920
	TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTTCTATA TATTTCACTA TAAAATGATT	1980
	ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA	2040
30	AGCATGAACT TTGCTTGTA GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC	2100
	CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCTGCAA	2160
35	CGCTTTTTGA GCTTCTTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTTATC	2220
	CAAGTCTTTG TCATTAAGT CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTTGA	2280
	TTTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTTAGG ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT	2340
40	ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC	2400
	AGTAATTTTT AAATGTTTTG GATTTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA	2460
	ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGGTT	2520
45	TGACACATCA TTTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTGA CATCTTTAAT	2580
	TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTTGT	2640
	TCCTTTATGC GCCTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA GTTTGGAATG CATTCATATC	2700
50	AATATCACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC	2760
	CACATCAATA TCATCTTTT TAGCTAATTC TTTAACCTTC TCCCAAGCCT TAGTGTCATT	2820

55

	AAGTGCTACG ATAATAACC CAATCAATCT TTTTATTCTA TCAATTCCTT TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT CATTAAATGTC TACGTATGAA TCTAGCTAGA ACATTCCCTA GCGTTTGAAT	3000
5	CACCTGGACA ATAATGACTA ATACAATAAC GGTAATAATA ATGACCGTCG TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA TACACTAAAG CTAAGTCTCC TATACCACCA CCGCCAACAG CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT CCAATAAGTC CAATAATCGC AGTGGTAATT GCTAATACTA ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA ATTAAAAAAT ATCTAATGAT TTGTAGTGGT GAAGCGCCCA TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA ATCCCCTCGT CTACTTCCAA TAATGAGTTT TCAACAAGTC TTGCAATGTA	3300
15	AGGTGCCACA TATACTGTTA AAGGCACGAT GGCAGCAGTC GTACCAATTG AAGTACCTAC	3360
	TACTAATTTT GTGAATGGCA CAATCGCAAT TAACAAAATA ATAAATGGTA GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT AAAGGATTTA AAACCTTGATG TATCACTATA TTGGGCCATA TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT ACCAATAAGA CACCTAATGG AATACCAATC ACTGCTCCTA AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC ATATATAGCG TTTCGTACAA TGCTTGTAAT AACTGTGCAC TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC ATATGTTAAT GCACCTCCTC AAATTGAATA TTTTCTCTT TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC GTGTCTTCAA ATTGTGATC CATATTAAAT CGAAGCCACA TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT TGTATTTCTG ACATAGATGA AAATAAAATT TTAACCTCTC TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG TCATTTATAA TCGGTTGTGT CACCTGAGTT TCCTCGACGA AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA TCGCCAACCT GTTCGTCAAT CAATCGACGA ATCAATGATG TACTTGGCTC	3900
	AGTCTGTATA ACTGTAGACA CAAAATTTTG AGCAATCGTC GTTTTAGGAT GACTAAACAC	3960
35	CTCTTTAAcA GTTCCTGTTT CAACCACTTT CCCCTTTTCC ATTACAGCAA CACGATTACA	4020
	AATGTCTTTA ATAACGCGCA TTTTATGTGT AATCATCATA ATTGTAATGC CAAAGGTTTG	4080
	ATTGACATTC TTTAATAACG TCAATATCGA AGCAGTCGTT GCTGGATCCA ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG CATAGGAGTA TTTTCGGATT AGTAACAAGC GCTCTTGCAA TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC CCACCAGATA ATTCATCAGG AAATTGGTCT TTTTATCAC TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC ATTTCCGTTA CTCGTTGCTT AATTTCTGTT TTGCTTTTCT TACTTAAAAT	4320
45	GAGTGGCATT GCTACATTTT TAAATACGGT AGCTGAATTT AATAAATTGA AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG ATATCTTTCT TAATATCCCT CATCATTTTA TCGCTATAAT TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT ACAATCACTT GTCCATTCTGA GGCAGCTTCA AGATGATTCA CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT TTTCTGCAC CACTATATCC AATCACACCA AAAATATCAT TCGGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT ACGTCCTTCA AAGCATCTAT TTTTGTCTC TTTTATTAA AGGTCTTACT	4620

55

	TAAGAGCATT	ATATGTAAAA	TTGCATATAT	CGTcAATACA	ATTTGCCGAA	TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA	TAAGTAATTC	ATGTGACAAT	GACGAATTGT	GAGACTACTA	TGACATTTAT	4800
5	CAAATTAAAT	CCATAAAAAAT	GTCCACCAAT	CCTCCACAAC	GCAATTACTA	AATATTAACA	4860
	TCGCACAAAA	AAGCACTAGC	ATATTCAAGA	ACAACAAACG	TTGAACTCAA	AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA	TTATTTATAA	AGTATCTAGT	GCTTGTTTTA	AATCATCGAC	TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA	TACCTACAGA	AATTCTTACA	AGTCCGCTCG	TAATACCTTC	TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG	GAATGGATGC	ATGTGTCATC	AATGCAGGTA	CTGAAATTAA	ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC	TTTCAGCTAA	TGTGTAATAC	GATGTTGCTT	TAATCAATTG	TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT	TCACTTCAAA	TGCAATCACA	CCTGTATGGC	CATCCGCTTG	AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT	TTAAATGACT	TTCAATACTT	GGATGGAACA	CTTGTTGCAC	AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA	TTTTAATAAT	TTCAATAACG	CTGCGATTAA	TTTGTTCCAT	ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA	TACCCCTCAC	AAGTAAATAG	CTATCTTGAG	GTCCTAAAAT	GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA	TAAATGCTAA	ACGTTCTGCA	AGCTTGTCAT	CCGATGTTGC	AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT	CACTATGTCC	ACCTAAATAT	TTCGTTGCAG	AATGTAAGAC	AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA	ATGGATTCTG	ATAATAAGGT	GTCATAAATG	TGTTATCAAC	AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT	CTTTCGCAAT	TTCAGCAGAC	TTTTTAATGT	CAGTAACACG	TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG	TTTCAATAAA	CAACATCTTT	GTTGTTGGGC	GTATCGCTTG	TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG	TTGTATCTAC	AAAATCCACT	TCAATGCCAA	ATCGTGTAAG	TACTTTTGTC	5760
	AATGCGCGAT	AAGTACCGCC	GTATACATCT	GAATTTAAAA	TAATATGATC	TCCTTTGTCC	5820
35	AACAGCATAA	CAACTGCACT	GATTGCTGCA	ACACCTGAAC	TAAATGCAAA	GCCATGTTTG	5880
	CCATTTTCTA	ATGTCGCAAT	AACGCTTTCT	ACAGAACTTC	TTGTTGGATT	CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTCAT	ATCCTTGACG	TAAATCACCA	ATATCATCTT	GTAAATATGT	ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG	TTGTAACGGC	ACCTGTATAA	TCGTCTGTTG	TGTGCCCACC	ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTTCT	TGTTCAATTAT	TATTCTCCTC	ATAATTAAAT	ATTTGCTTAG	ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA	TCTGGAAATA	CGACAACAAT	CGTACCTTCA	GATAATTGCG	CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT	TGTAATGCTG	CACCTGaAGA	ACTGCCTACT	AACAACCCTT	CATTTATAGC	6240
	CAAACCTTTG	ACATTTTCGAA	AGGCATCTTG	ATCTTTAATC	GTAAATATCC	CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT	AAAAATATCG	GCCATTTCTC	AGAACCGATA	CCTTCAGTGT	CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT	CCATTTAACA	CGGACCCTTC	TGGCTCAACG	GCATAACATT	GCACGTGATG	6420

55

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTCAT ATAAACGGCA CCATATTTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AAACCTTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCCCT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATTGTTCAA GCTTGGCATA	6900
15	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTT TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACAGTA CTAAATTTTC AATTCCAAAC	7140
	AAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAACATAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTGTAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTGCA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAATCGT TCCCGCACCG AATCTTACAT CTTTAAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTTGCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
35	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
	TGTGCCTAGA TGCATTTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAAAAT	7920
45	AAATTCACA CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
50	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTTAACCA	8100
	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGGAGA TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
55	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340  
 GAATTCCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400  
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460  
 GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520  
 TCTTTTCATC ATTCAC 8536

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4328 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGTkGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60  
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCCAAT CATTAAACAAA 120  
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180  
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240  
 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300  
 30 CAATGTTATT GATTTATCTT TATATTTATC TAAAATTCGG TCTAACAACG TCGTAATATA 360  
 ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420  
 35 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480  
 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540  
 TTTATAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAAATTTGA TGCTGTTTAA 600  
 40 AGTTATCTTC GCGATTCGTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACAAATGTGG 660  
 CATTTTTTAAA TTCTGAAACA CTGTTAAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720  
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAATAG TCAGTTGCAC 780  
 45 TTTCTTTTTG TGGTAAATAT GAAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAAT AATACAATAT 840  
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAAATGATA 900  
 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960  
 50 TACCATCAAT ACCATTGCGA CCACGATTCG CATAGACATC TATATTTTTA TTCAATAACA 1020  
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080

	TAATTTCTTT ACGCCCTTTT TTCTCTAAGC ATTGCCATTT TTCTAACCAA CTTACGCGAT	1200
	TAACTGTCGT GTCTTCCATT AATGACCTAA AGAAATCATT CGCAGAAATC TCATATGAAA	1260
5	TATCTGGCGC TATCGGAAAG ACATCAATCT TATCATTGTT TTGCACTAAT ATTTGAAATG	1320
	CATCAGTTTT CTTTAACCAT TGATTTAACT TTTTAGAAAT CACTGGTTTC CCAACACGAA	1380
10	TTACGAAATC CACATTTAAG TCTAAGCCGC TTCTAAACAG CAAATCATAT GTACAGATAA	1440
	CATTGCGATG ATCAAATTTT CTAAATGAC TTAAAGGATC AGCTAAAATA GGCAAATCAT	1500
	ATATCGTTGA ATACGTTAGT ATTTGaTCAA CTTCTTGGTG CTGCATATCC CCTACAATAA	1560
15	TTAAACCTTT TTCTTATTT AAAATGTGTC TTAATGCCGA TGCATCTATA CTTTTTTGAT	1620
	AGTGCGGTAA AATCTTCATC TCAGAAGTTA ACAATTCTGT TGCATTCAAA TCAGGTGTTA	1680
	ACGGATCTCT AAATGGCAAG TTAAATGAA TTGGCCCTTT ATGTGGTCCA TATAAATATT	1740
20	GACTAGCAAT TTGCATTTGA TAGTAAATTG CATCAATGGT CTCTTTACTA TCATCCGCAA	1800
	TAGGCATATC GAACTCATAA CTTACATAAT TATTAAACAT ATTTACTTGA TTAATCGCTT	1860
	GTGGTGCGCC TACACTTCTT AATTCATGCG GACGGTCACT TGTAAAACG ATTAAAGGAA	1920
25	TTCTACTAAT TTGGCTTTCA GCAATTGCAG GCGTATAATT CGCTGCTGCT GTACCTGACG	1980
	TACATAATAT AGCGACAGGT CTTTCACTGC CTTTAATTAA CCCAACTGCA AAAAACGCTG	2040
30	CACTTCGCTC ATCGGGGTGT ATCCATGTTT TAATATTTGG ATGTGCTTCA AATGCAAGTG	2100
	CAAGTGGCGT TGAGCGTGAT CCCGGACTGA TAACTACTTC CCTTACGCCG TACGCATATA	2160
	ACTCAGATGC AAATGTAAAA ACTTGCTTCG TTAAAGCTGC TTTATGATTT CCCATTCATA	2220
35	TCGACTCCTA ATGCATTCAT CATAGGTGTG AACTTAAGGT TCGTTTCTGC CAATTCACTA	2280
	TCTGGATCAG AATCTTTAAC AATGCCACAC CCAGCAAATA AAGTTGCTTG TGCTTTCTTA	2340
	ATAAGCATCG AACGAATTGC AACAATAAAT TCACAATCAT CGTATATATC TATATAGCCA	2400
40	ACCGGTGCAC CATATAATCC TCGCGTACCA AATTCTTTCT GCTCAATAAA ATCCATTGCA	2460
	AATTCTTTTG GATAGCCACC TAAAGCAGGT GTTGGATGTA AATTATCAAT TAACTAATA	2520
	TACGAATCAT CCTTCAGTGG CGCCTTTATT TCAGTGTACA AGTGATATAA ATGATCATTT	2580
45	TTTAGAATTT TAGGCGTCTT ATCATAATGT AATTCAGTGA TATAAGGTTT AATATCATGT	2640
	AAAATACTGT CAACAACAAA TCGATGTTTC ATTAAGTTTT TATTATCTTT TAAAAATGCT	2700
50	TCAACATTTT TTGTATCTTC GTCCTCATCT TGTGAACGTT TAATTGTACC TGCTACAGCT	2760
	TTAGTCGATA GTATTTTATT ATTGACCTTT ATTAATTGTT CAGGTGTTTG TGAAAAGAAT	2820
55	ATAGAATCTT GTGATTCTAA CAAGAATATA TAACTGTTTT TTTCTTTAGA ATATGCTTGC	2880

ACAAATTTTT CTTCATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000  
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060  
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCCTT 3120  
 TTAACGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCATTA TTATCAGTTG AAATTAAAAAC TTCAGGTAAT 3180  
 ACAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240  
 10 AACCTCCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300  
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTGAAT 3360  
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAG 3420  
 15 CGATCTCCTG CCTCATTGTC AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGAT 3480  
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540  
 20 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTT ACTTCTTTCT TCGTCTTTTT TCACTCATTA 3600  
 TTATATTGTA TCATTTTTGG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAAACTT ATCTTGCAAT 3660  
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAAA TATCTTTGTT ATAAAAATA 3720  
 25 TGATTTAAAG AGGTTTTGTA TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780  
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTGCCT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840  
 GGTACAGCAG CATCTAAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900  
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960  
 TACTATGATT ATAAAAAAGG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020  
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080  
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGTT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140  
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTCCCTAT TTCATGGACG 4200  
 40 CCTTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260  
 TTTATTCAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTTGGT TAAGTGATACC TATAGTAATC 4320  
 ACTATCGG 4328

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1450 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 50 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

	GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT	60
	TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTTTCG AGGTTTTnAT	120
5	ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG	180
	CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC	240
10	TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT	300
	ACTAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT	360
	TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT	420
15	TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAAC ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT	480
	TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA	540
	ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC	600
20	TAAACGGGA CATTTACATG TGCACTTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT	660
	TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA	720
	TGCAAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA	780
25	ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT	840
	CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT	900
30	TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA	960
	TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTCATG GTGGCTTAAC	1020
	GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TTaGAATTCC aATACGTTAT	1080
35	TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT	1140
	TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA	1200
	TTATrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTcATTaAT	1260
40	AGAAGATCGC GGTTTTGTAT TCAATACTGT TGATATTAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT	1320
	TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTtAA CTaATCAAGT	1380
45	GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT	1440
	TAAACAAGAA	1450

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1139 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

5 AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC 60  
 GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG 120  
 AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC 180  
 10 TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG 240  
 AAGGTTATTA TGTGTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA 300  
 GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA 360  
 15 TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGATAAGCAA GATTTTCGATG 420  
 AAATTGTAGA TTATTGTCTG GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA 480  
 TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA 540  
 20 TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCCG TGTACCCAAG GTCATGGGTG 600  
 TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA 660  
 ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA 720  
 25 AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG 780  
 CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA 840  
 TGGGGaATGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG 900  
 30 AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTTAAAATAA GCCTTAACAC 960  
 ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA 1020  
 35 GTTATACTAT GGAGGATTTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG 1080  
 AGTAAATGTA TATTTttTGA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT 1139

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2931 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

50 TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTATAAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT 60  
 GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTCTG AGTTGATTTT 120  
 AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TTAAAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA 180

55

	AATGAAGTTG TTAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAAA TATACAAGAT	300
	GTTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTCCTAAG TTCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTGTGA CCAAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTGT TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACCAAATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAAAG	720
15	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTTTTCGG TGTTCCAAAC TCAAAaGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTACAGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTCAGCG CCATCATTTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TCGACATGA	1260
	TGATTGTTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTCG AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
35	ATGTTCCAGT TGTTGCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTT	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GTACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCAgcTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TCGGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980

55

GCCGGATTCT CCTGGTGTGC CTGAAGGTAT TGCTAAAAAT ACAATTACAG TTCCATACAA 2100  
 TGATTTAGAT GCACTTAAAA TCGCTTTCGA AAAATTTGGa AACGATATTG CTGGTGTAAT 2160  
 5 CGTAGAACCT GTTGCTGGTA ATATGGGTGT CGTACCGCCG ATTGAAGGTT TTTTACAGGG 2220  
 ATTAAGAGAT ATTACGACTG AATACGGCGC ATTGCTAATT TTCGATGAAG TAATGACTGG 2280  
 TTTTACAGAGTC GGTATCATT GTGCACAAGG TTAATTTGGT GTGACACCAG ATTTAACTTG 2340  
 10 CTTAGGAAAA GTTATCGGTG GAGGACTACC TGTAGGTGCA TTTGGTGGTA AAAAAGAAAT 2400  
 CATGGATCAT ATAGCACCAT TAGGAAATAT TTATCAAGCG GGTACGTTAT CAGGAAATCC 2460  
 15 TCTTGCAATG ACAAGTGGTT ATGAAACGTT AAGCCAATTA ACGCCAGAGA CATATGAGTA 2520  
 TTTTAATATG TTAGGCGATA TACTTGAAGA CGGTTTAAAA CGTGTATTTG CTAAACACAA 2580  
 TGTACCAATA ACTGTAAATA GAGCAGGTTT AATGATTGGT TATTTCTTAA ATGAAGGACC 2640  
 20 TGTAACATAAT TTTGAACAAG CGAATAAAAG TGATTTGAAA TTATTTGCAG AAATGTATCG 2700  
 AGAAATGGCA AAAGAAGGTG TGTTTTTACC ACCATCTCAA TTTGAAGGTA CATTCTTATC 2760  
 TACGGCACAC ACGAAAGAAG ATATTGAAAA AACGATTCAA GCATTTGATA CGGCTTTAAG 2820  
 25 TCGTATTGTA AAATAAATAT ACGGACAAAT TGAGAGCCTG AACTTTGTTC AGGCTCnTTT 2880  
 TAAATGTATA TAAGGCATGG GCGGCGACTT GATAGTGAAA GTCCACTACT A 2931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1421 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40 AATTATGAAT GCATTACCAG TATTATTACA AAAGAACAAT TAAAAATGTT TGTTTATGAT 60  
 TATGATACGC ATCTCATTAA AAATGTAAaTG GTTGCAGCAG ACGTGTTAAA GGCAAATGAT 120  
 ATTCAAGGAC ATGAACCATT AATCGTTAAC CTTCAAACGA TTGATGAAAC ATTACATCGT 180  
 45 TTACCTATGC ATAATAGAAA AGACATGATG GTTAATGGCG GTGTACTTAT GGCACATTTA 240  
 AATGCCAAAA GTGGTCCGTG GTTAAAAGAT GTGCTAAGAC AAATTGAGAT AGCGATTGTA 300  
 50 ACAGGTAAAG TAAGCAACGA AGAACTGAA ATTTTGAAAT GGGTGGATAA TCATGTCAAA 360  
 ATATAGTCAA GATGTACTTC AATTACTCTA TAAAAATAAA CCGAATTATA TATCTGGACA 420  
 AAGCATTGCG GAATCACTTA ATATTTACCG CACTGCAGTA AAAAAAGTGA TTGACCAATT 480

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTGTTGA 600  
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATT CACACAACCTT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660  
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720  
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCG TGTTAAGACC 780  
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840  
 TGCGATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900  
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTCTTAAAC TGAAATGGTT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960  
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAAACCT TTGATGAAAG 1020  
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080  
 ATTTTGTAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140  
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200  
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAGG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260  
 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCAG ATATAGATTT 1320  
 25 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTTG 1380  
 GAAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATT C A 1421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2202 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

CCAAGTTGCC TAAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCAACGATT GAACAAGAAT 60  
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGAGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120  
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180  
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACATAA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240  
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300  
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360  
 GGCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCGA 420  
 55 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAAC TGATGACGTT ACTGAAGATA 480

CAAACATCGA AAGTGTAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA 600  
 GTACAGATGT TGTATTTTAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA 660  
 5 GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG 720  
 TGGCAAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC 780  
 10 AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG 840  
 GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTATG 900  
 GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA 960  
 15 TCGTCGGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAAGCTTT AAAACAGTA AAAATAAAGG 1020  
 AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA 1080  
 GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT 1140  
 20 AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC 1200  
 TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAA AATTAGTAGG 1260  
 TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTC GTATTTTACG 1320  
 25 TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA 1380  
 AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAAA TGAAAATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC 1440  
 30 TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAAACAC CTGCAGATGC 1500  
 TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgCA AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA 1560  
 ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA 1620  
 35 CTTATTTGAG CGTGTACCAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA 1680  
 TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG 1740  
 TAAGTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG 1800  
 40 TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTTGA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT 1860  
 TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGTTTAA 1920  
 AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT 1980  
 45 TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACtGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG 2040  
 AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA 2100  
 50 CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT 2160  
 GGCCAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT 2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

(A) LENGTH: 785 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

10	AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATaATACC GCTAAGCCAG CAAGATGATG GCACGATAAA	60
	ACCTAAACAG AAGAAmATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG	120
	AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA	180
15	ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT	240
	GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA	300
	CATTATTATA ATTGTAAATA TTAAAAATGC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG	360
20	CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT	420
	CTTACGCAAA GTAAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA	480
	AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAATTT TTTTACAGTA	540
25	CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA	600
	CAAGCCATCC GTAAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT	660
	AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGcAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA	720
30	TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT	780
	TCTTC	785

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 812 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

45

50	CTAACGnGAT AAGGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGTtAATGAT	60
	AAAAATATTTG TCACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT	120
	TGTTCCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC	180
	ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGTATGTCA TGCGAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT	240
55	GTCAATTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATTT	300

	ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT	420
	GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA	480
5	TTTTTAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT	540
	TGCAATGGTA TTGTTTTAAT TACTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT	600
	TGCAATAATT GATTAATTTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT	660
10	TGTTTAATCG AATCATTAAT TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA	720
	ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGTnTTAAT AAAGCACTCG TTAAAATACT TGTnAAAAATG	780
15	CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG	812

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

	(A) LENGTH: 1732 base pairs
20	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

	ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACanT	60
	TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT	120
30	GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAAATG CAGGAGGTCa AGTATATGAC TGAAATaACA	180
	TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT	240
35	GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAAA	300
	AAGAAATTAA TTAgtGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC	360
	AAATtCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTT AGCAGACTTA	420
40	CCATTTCGCAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT	480
	GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA	540
	TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT	600
45	AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGAT GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA	660
	TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA	720
	AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA	780
50	ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTCa TACATTAGAT GAAAAAGCTA	840
	AAACATTAAA TAATGAAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC	900

55

CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020  
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTTAGT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080  
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140  
 AAGAAGTGTT ACCTGraAtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTTAT 1200  
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAAACCTCT TAGAAATTCC TTTCGATGTG TATCCTCAAG 1260  
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320  
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380  
 GTTATTACCA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAAAGAT GCTGGATATG 1440  
 CCTTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTA CAGGTGAACA TGTA AACAG CTTGAAAAAT 1500  
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560  
 20 ATGAAAAAGC GCGAAAATCT ATATTAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620  
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTCCAAAA TTCCTTCACC AATTTCGAAG 1680  
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2779 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAAGACT TTTCAAATGA 60  
 AAAAATAAAT AGTATTCGAA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120  
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATACATT 180  
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTTTCAGCAG TACAAATTGT 240  
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300  
 45 AATTGGTTAT GGAAC TGCA ATCATCCATT TAACAGTTCG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360  
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTTCCG 420  
 50 TAATGTTATT AAAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGTTTACTAG CTAGTTTCTG 480  
 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540  
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AAACATTTAC CACTTTTATT 600

	AAATAATGGC	GAGTCACTCG	ATAAAGTTAA	ACATACGCCG	TTCTTCTTAC	CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA	GATGAAGAAG	ATGTGGAAGT	TACAAATGAA	AACACAGATG	AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC	GAACATTAC	CACTCTTATT	CGCAAAACGA	CGCAAAGATA	AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA	ACAACTAGTA	TTGAATCTAA	AGATGAGGAC	GTTCTTTTAT	TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT	CAAAAAGATA	ACCAATCCAA	AGACAAAAAG	TCAGCATCAA	AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA	GCAGCTAAAA	AGAAGAAAAA	GAAAGCTAAG	AAAAATAAAA	AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA	AATAGaGGAG	CACCGATTGA	CATCACATCA	GTCGGTGCTC	CTTTTATTTA	1080
	TTCTTTTTAA	TTAATTTATA	CAATGCCTGT	TGAGCGTGTT	GATTCGCTTC	TTGTPTTTGT	1140
15	TCTCTCGGTA	TCCATTTAAC	AAATAATAAA	TCAAATCTT	TTTCAAATAT	TTCTATTTGA	1200
	TCAAATAAG	GTTTGAAATT	TGCGTTTTTC	ACATAACCAG	CTTCAATGCT	ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT	CTGTATATAA	TAGTGC GTTT	TGAACATTTA	ATTACAGTGC	ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC	ATGCAGCCCA	TTCTGCAGTG	TGGTTATCCA	TTTCGCCTAA	CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT	GCTGCTCATC	TTCTTTGATT	ACAATGGCAC	ATGTACTTAT	GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTCGTCG	CAGCATCAAA	ATTTATTTTC	GCCATAATAA	ACCTACTTTC	TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG	TTACTATTAC	TGTAATACAA	AATATGTTGG	GTAATCCATT	AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA	ATAAGTAACA	CGTGTTTAAA	ATACTCGCTG	ATTCAAAGAT	GATTTTCTAA	1620
30	TACGTAtACT	GTaATATACT	TCCTAAAAAA	ATCATCTTCA	GGCTGGGACA	TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC	TACGATGTTA	TATTGGCAGT	AGTTGACTGA	ACGAAAATGC	GCTTGTAACA	1740
	AGCTTTTTTC	AATTCTAGTC	AGGGGCCCCA	ACACAGAGAA	TTTCGAAAAG	AAATTCTACA	1800
35	GGCAATGCGA	GTTGGGGTGT	GGGTCCCAAC	ACAGAAGATG	ACGAAAAGTC	AGCTTACAAT	1860
	AATGTGCaAG	TTTGGGATGG	GCCCCAACAA	AGAGAAATTG	GATTCCCAAT	TTCTACAGAC	1920
40	AATGCAAGTT	GGGGTGGGAC	GACGAAATAA	ATTTTGCGAA	AATATTATTT	CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAAAC	TTATTCTTTT	GTGTAGTAAG	TGCGTTAATA	GCCTTGATCT	AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT	ACGATAAAAT	GATTTAGCAA	TATATCCAAA	TGGTACATTG	AAAACGTGTG	2100
45	AAGCTAATTT	TAATACGTAC	GTTGTAATAA	ATATTTCAAa	TACAAmTGTA	CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA	TGCGATAGCT	ACAAATAAAG	CTGTATCAAT	TATTGrGCTT	AAAAATGTAC	2220
	TACCATATGg	CACGGATGAA	AAACGTTTTa	TcmGaACTAA	ATACTTTTTT	AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA	CATCAATATG	TTGACCAATA	ATATATGCGA	CGATTGAGCC	TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACAA	CATCAAAGAT	TGCGTGTAAT	GCTTTTTGTG	CCATATCTTC	TGGTGCAGGA	2400

55

CAAACTGCTC TTTTGTGCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTTGCTAAA 2520  
 TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT 2580  
 5 TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT 2640  
 TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT 2700  
 CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAAAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA 2760  
 10 GAAACCGCTC AATAAATAA 2779

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAATATAA TCAAATTCAT TTTCATCAAA TTGCTTAAAA 60  
 25 TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA 120  
 TGTTTTCCCTG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT 180  
 TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG 240  
 30 TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT 300  
 ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT 360  
 35 TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTGTA 420  
 GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA 480  
 TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT 540  
 40 ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AAACATTATG CTCATAATTA 600  
 ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTATTA CCATAGAACT ATAATCCTTA 660  
 TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA 720  
 45 TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT 780  
 GTTAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG 840  
 GcTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTTGAAGT 900  
 50 TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTTCA TTTTATTAT TTAATAAAG CTTCGGTGTA 960  
 TAATTCCCTT TATGAGAAAT ATGTTTGTCT ATAAACCCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA 1020

CGCTGGGGCC CAATTTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140  
TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200  
5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATT 1260  
CATTCTTCT CTAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTC GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320  
AChGCCAGGA AATTCCCACA TTAAAGGCAG ACTCATTTT TCACTTCTCT GTGCACAAAG 1380  
10 AATTTTGTGA TCAGAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTT TCATAAGACT 1440  
CACCCTTCAA TTTAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500  
15 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560  
ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTACT 1620  
TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTTCATGTT 1680  
20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740  
TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTATGa GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800  
AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGGTATACGC GGAAAATTCG 1860  
25 GTCTTGGTGA AGGTCGACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATTG GGTTTAGCGC 1920  
GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980  
TTTCcAACTG AATTCGCCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1933 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAAATGCG TCAAAGGATG 60  
GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120  
45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTAA AATACTGCAT ATTCATATAT 180  
TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240  
AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTT 300  
50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360  
ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT 540  
 AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC 600  
 5 AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTTAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC 660  
 CTTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACGTG TTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG 720  
 AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC 780  
 10 AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG 840  
 TCTATCTGTA ATATTCGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG 900  
 15 ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTTCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA 960  
 TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTCAA GTGGAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC 1020  
 TTTAAAATA AATTGCTTG TATTAAATGA TTGTTGCGG AAATACTTAC GTAATTCTTT 1080  
 20 ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC 1140  
 AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTCAGG TGTAAACAGTA TAAACGTTT TCTTCGAAAT 1200  
 GCCGCCTTTT CTAAATTCTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATT TACCATTTTG 1260  
 25 TGTTTCTAAT TCGTTGTATT CTTCTCTTG TTCTGGCTT AGATTTTGAT ATGCATCATT 1320  
 AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA 1380  
 CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA 1440  
 30 TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTTATTGTA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT 1500  
 TAATACAAAA TTAATCTCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCTTCAA CGAATAACTG 1560  
 AACACGTTCC CAATAGATT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC 1620  
 35 CTTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC 1680  
 TTCAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAATTGT TGCAATTTC AATTCTTGAC CTTTAAACAA 1740  
 40 CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC 1800  
 TTTTGAACCA CTTGACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTCCAATA CTAGACGTGT 1860  
 ATTAACCTCT ACTGGGAAC CACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAAT 1920  
 45 GTAATCGATC ATT 1933

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 2049 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGTnCGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGTATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAAaT	120
	GAACACAaGA TCAGAAGGAT TGC GTATAGG CGTCCCAAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
10	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACCTTAGGA GCGGAAATAT TAGAACTTAT	240
	TAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAACT TTAaCATTa TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAATTTGT	420
	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGGTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTTA GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTGCAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
30	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAACTT TTGGGATATC	960
	TAAAACACAT GCAAAATCCA CACTTTCAAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCGT CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAAACT ATTAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTTAAACAC TGAAGTATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAGCAG ACACTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
50	GATAAGCTAT CTAATATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

55

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800  
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860  
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920  
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTGGTay TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980  
 10 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040  
 TAGATAATC 2049

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 942 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

20  
 25 ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAAT 60  
 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120  
 TTCATCTTCA TTA~~CT~~CCTt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180  
 30 GAATCGTCCA ATCATTTC~~CA~~ GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240  
 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTCA~~CC~~ ACATTAACAT 300  
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360  
 35 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420  
 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAAAATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480  
 CCTCA~~TT~~TTTT TGTCAC~~TT~~CT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540  
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600  
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCACTTCAT 660  
 CAATTT~~CG~~GAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720  
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780  
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAA~~ra~~c TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840  
 50 ATATAAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTT 900  
 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

55

(A) LENGTH: 1268 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCTCTG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTCAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
	CAAATTCCTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTCGAATGT	540
25	GTTCACTCTC ACAATTTGGA CATTGATTCG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCACAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACTTG TTCCTGTCTG TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTTTCAGGTA	840
35	AAGCTTGTTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CAC <sup>5</sup> TCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACAATT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTGTC GGTGTTAGAG CGATTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

50

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 629 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5 TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAAATTTGTC ATGATATCAT 60  
 CAATAAAATG TTGAAACTTC GTAATTTTAC CTTCATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG 120  
 CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA 180  
 10 AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT 240  
 TCAAAGGATA GTGTTGCGCC AATTTTAAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG 300  
 CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC 360  
 15 ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT 420  
 TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAAGTCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC 480  
 20 GATTTGTACC TGTAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTTGTG CCTTTTAAAT 540  
 ACGtGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TctATATAcc TCCACTAtGT CTAAAGakGT 600  
 TkgCTAAACG CGTTGtCGTC GATGATTAA 629

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2817 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35 TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC 60  
 AGATAATATC GGTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA 120  
 40 TAACTTGAAA TTATTGTCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA 180  
 AATTATAGAT GCATTTGGTA TGAGACCTTA TATTAAAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT 240  
 GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTATrTG AATAAACCTA AATTTTAAAT 300  
 45 CTTGGATGAG CCTACAAATG GkATGGATCC AGATGGCTCa ATTGATGTGC TGA CTACAAT 360  
 TAAGTCTTTA GkAAATGaAC TTGATATGAG AATTCTaATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA 420  
 TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTAAAGAGAC GGnCATTTTG TTCAAGATGT 480  
 50 AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT 540  
 TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTCCAATTA CAAAATGTCTG ACAAAGCAGA 600

5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35  
 40  
 45  
 50  
 55

ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTACTT 720  
 CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT 780  
 TATAGTATAT TTAAaArTCC TTAAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT 840  
 GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCTG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT 900  
 GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAT GTTTGTGTGT 960  
 AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA 1020  
 ACACGCGTTG GATaCATTAT TTCGAAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTTT AATATTATTT 1080  
 GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTG 1140  
 GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTTACT ATTCTTTGGC 1200  
 TTGTTTTIAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT 1260  
 GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC 1320  
 GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG 1380  
 ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCAATTAGG TTCTATAGTG 1440  
 ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT 1500  
 TGAGGTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA 1560  
 TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA 1620  
 TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT 1680  
 TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAAT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT 1740  
 GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA 1800  
 CGTGATTTAC CATTTGTTAA ATATTGATCG ATCAGTTTGT TATCATCATC TCTATGGAAC 1860  
 ACGGCTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTGA GAATTGGGAG ATTCATCATT 1920  
 GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT 1980  
 TTTTGTATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA 2040  
 TCTTGATTTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA 2100  
 GTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT 2160  
 AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATCTT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT 2220  
 GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC 2280  
 GTATTCAAAA TCGCTGGGTT GTGTTTATAT TATTTTAAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA 2340  
 TTGGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG 2400

TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG 2520  
 AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT 2580  
 5 TTGATGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACGGgATTGA AAATCTTGgA TTCgGATATA 2640  
 AAAGrACaAA AGTTGGCAAT GrrTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT 2700  
 10 TAAAAATTAAA CTTACTTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT 2760  
 AGCTTTAGGT CTTAAAGTTw TAAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC 2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1607 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

TCTGTAAAAA TGATTTTTCT TTTAnAAAGG CCGnAAATCA ATGTTGCGATT nTTATTTGCA 60  
 25 TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC 120  
 ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA 180  
 CGGATTTCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG 240  
 30 GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT 300  
 TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTTGATCCA GTTGCACTAT 360  
 TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCTTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA 420  
 35 ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC 480  
 gTGGgGACAA TAAGATTGGT ACAACTAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG 540  
 40 TTCAACGTAT CGGTATTCTG ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT 600  
 TAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC 660  
 CATCATTTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG 720  
 45 TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG 780  
 AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA 840  
 GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA 900  
 50 AGGTAATTGG TGTATGTAAA GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG 960  
 AATTATTCGA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA 1020

55

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTA ACT CAATCGATGT TTTAACAGGC CTAGACACAG 1140  
 TGAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAAT 1200  
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260  
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320  
 TTTCAGAATT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380  
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATAACAAT GATTATAAAT 1440  
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTTA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500  
 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560  
 15 rTTAgATGAt AtTtAACGAA AAtTAAGATG anATACTTGA ATGGTAA 1607

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3055 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60  
 30 GGATTTTCAG CATGGTTATT TGATTTATTC ACCTGTTTAC ATCTATTTAC TTTATTACCT 120  
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180  
 AATCCAATA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTCAT CAATCAACCA 240  
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300  
 GACAFAACTG TGTCGTTTCG ATAAAACAAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360  
 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTATT 420  
 40 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480  
 CTGTCCGACT ATTCTTCATC AAAAAACCTG ATAAAACAAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540  
 45 CATTTGTATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600  
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660  
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720  
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780  
 AGAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

	TAACATTTTT GTGTTTATTT ATTTCCCTTT TCCAAATAAG TCTCCAACCA ATGGCAATTA	960
	AAATTGCACT AATGACAATA CATGTCGTAC TAATCGTTGG TAAAATTGGA ACGCCCATAT	1020
5	TTTTCATCCT AACTTAATTA ATCTAGATCA AAGTAAGTAA TGAAACAATC ACAGCTAACA	1080
	CGAAAAAGAT CACTAAATAA TTTAGTGAAT ATATAAACAT TTGTGTTGCC CATTTTGT	1140
10	GATCTGAATT TTTCTTAAAT GTTGTTAAAC CTAATGCAAT CCATCCTAAA TTTAATAAGG	1200
	TtGCTAACAC TaCGAATACG ACACCTAAAT TTATTAGTAA TAAAGGTACT GGCAATAAAA	1260
	TAATCAACCA GATAACATA CTGACACGTG TACGTTTAAA GCCCTTAACT GATGGTAACA	1320
15	TTGGAATATT TGCAAGTGCA TATTCATCTT TACGTTTAAAT AGCTAAGGcA TAAAAATGAA	1380
	TTGGtTGCCA ACmAAATACA ACTAAAAACA GCGCAATCGC TGTTAAACTA ATTTGTCCTT	1440
	CAATTGCAAC CCATCCAATT AGTGGTGGTA CTGCTCCAGG AAAACTCCCA ATCACTGTGT	1500
20	TCCATGTTGT ATGTCTTTTA GACCATAITG AGTAATAAGA CACATAACCT ACAATCCCCA	1560
	TAAGACCAAG TACGCCTGAT GGTATATTCA ATAAAAACAA ACAAATTTCT CCAACTAACA	1620
	TCATACCAAA ACTTAATAGT AATAAATTTT GATCTGTAAT TCTATTATTT ACAGTTGGTC	1680
25	TATTTTGT	1740
	ATGCGCCACC CATAATTAAA GTAGATCCAA ATAGCATTAA TAAAATTTGA GGTATTGATG	1800
	ATAAGAAGGA ATGATTTGTC ATTACAACCTG CTAGCCATGC GCcCGCAAAA GCCGGAATTA	1860
30	AGTTACCTTG AACAGTCCC ATTTTAATTA TCTGTTGCAA TTCTTTGAAG TTAACCTCTGC	1920
	TAATATTTTG TGACmAGTA TGCTCTTTGC TCATAATCCC CCTCCTTAAA TTTGTTTATA	1980
35	TAAGATTATG ATATCTTAGA TTGCATAAAA AGACTAGGTT TAATAAAATT AAATTGTGAC	2040
	AAATTAACGA CAAGAGAAAA TGTCAATTTT GTGACACAAA TAACATTTAA TTTATTGCTA	2100
	TAATGTATAT GTTAGAAAAT TTTAATAAGT AGAATCATGC ATCTAAAAGA GATTAATATT	2160
40	TAAGCTTCAA ATTTGAGTAA ACGTGGATTA CATAATTATC CCAATAAAAA AATCATTACG	2220
	ATTAAGTTCT TTTTATGTCG TCCACATACA ATACTTGTA AATTAAATCA TATTTCTGTC	2280
	GTGATATCCC ATCTTTTCAT ATCCTACAAT CAGGTCTATT TATAGTATCA TCTCAAATCC	2340
45	GGCTATTAAT TCTAATTCTC AGTGATGCGT TTTTTTATGA TGGGGTGTAT AAATTGTTTG	2400
	GCAAAAAGAA TTTAAAATGG TTAGGTGTCG TAGCAACGTT AATGATGACA TTTGTACAAC	2460
	TTGGTGGAGC CTTAGTTACC AAAACCGGAT CAGCTGATGG TTGTGGTTCT TCTTGGCCAC	2520
50	TATGTCATGG TCGTTGATT CCAGAATTCT TTCCTATTGA TACGATTATT GAGTTAAGTC	2580
	ATAGAGCCGT TTCAGCTTTG TCTTTATTAA TGGTCTTATG GTTAGTTATC ACTGCATGGA	2640

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTTGGCA ACAAACGAT TACGTTTTAG 2760  
 CATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820  
 5 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880  
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGa 2940  
 GACATGCGGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000  
 10 CCACATTGAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAnGGTCn nTTAA 3055

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 748 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTTGAGACT TTAAAAATG ATCCGTATAA 60  
 25 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120  
 TAACCATCAG CACAGGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180  
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240  
 30 TTAATTAAAG AAACAGTAGT TTAAGTGTAG GGAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300  
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360  
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420  
 35 AGAAATATGA GGTTTTTAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAAATTTT AAGCCTGAAA 480  
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTCTGTA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540  
 40 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTTAAACATT TAACAGATGT 600  
 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaaCT ATATAGAGCC 660  
 TGTCAGTGAT CaaATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720  
 45 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGAnTTC 748

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4718 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

5	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACITTTT TTTGTGAAAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACTAC ycTGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
10	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGTTACc	240
	TGGCGGATAT TTATTTTAT CAGATTTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTTACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TCaAGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAc ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTCGCATG	840
30	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAAACAAGT TTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTGGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
35	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAAT GAACACAAGC	1080
	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGTAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAACTCT GGCTTGTTTCG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATTCCG CGACATCGcg CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAAC GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTGATAA AGCATAAAGC TTTGTGGCA	1620
	GTTTTTTTAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTT TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55

	TGaTGCTCGT	ATTTTTGAAG	TAAGAAAAAA	GTTGTTTTTA	AAATTACAAC	GAATTAAAAA	1800
	CAATGCCTTT	TATATGTTGA	AAGAGTATTG	CaGATTAAAT	TaTAATAATG	ACGAaGgTAA	1860
5	AATTTAATGG	GGGTTAATGT	TCATGCGAAG	ACACGCGATA	ATTTTGCCAG	CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG	AAATCTAAAA	AGTATAAAGT	GCTACACGAG	GTTGCTGGGA	AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA	TTGGAAAGTG	TGAAAGGCTC	TGGTGTCGAT	CAAGTTGTAA	CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT	GAAAGTGTA	AAGGACATTT	AGGCGAGCGT	TCTTTATACA	GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACTC	GGTACTGCGC	ATGCatGCAA	ATGGCGAAAT	CACACTTAGA	AGACAAGGAA	2160
	GGTACGACAA	TCGTTGTATG	TGGTGACACA	CCGCTCATCA	CAAAGGAAAC	ATTAGTAACA	2220
15	TTGATTGCGC	ATCACGAGGA	TGCTAATGCT	CAAGCAACTG	TATTATCTGC	ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG	GATACGGAAG	AATCGTTCGA	AATGCGTCAG	GTCGTTTAGA	ACGCATAGTT	2340
	GAAGAGAAAG	ATGCAACGCA	AGCTGAAAAG	GATATTAATG	AAATTAGTTC	AGGTATTTTT	2400
20	GCGTTTAATA	ATAAACGTT	GTTTGAAAA	TTAACACAAG	TGAAAAATGA	TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT	ACCTCCCTGa	TGTATTGTCG	TTAATTTTAA	ATGATGGCGG	CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA	CCAATGATGT	TGAAGAAATC	ATGGGTGTAA	ATGATCGTGT	AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA	AGGCGATGCA	ACGTCGTACG	AATCATTATC	ACATGCTAAA	TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC	CTGACAGCAC	TTATATTGGT	CCAGACGTTA	CAATTGGTAG	TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG	GCGTACGAAT	TAATGGTCGT	ACAGAAATTG	GCGAAGATGT	TGTTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG	AAATTAACAA	TAGTACGATT	GAAAATGGTG	CATGTATTCA	ACAGTCTGTT	2820
	GTTAATGATG	CTAGCGTAGG	AGCGAATACT	AAGGTCGGAC	CGTTTGCGCA	ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT	TAGGTGCAGA	TGTTAAGGTT	GGAAATTTTG	TAGAAATTAA	AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG	GTCCAAGGT	TTCACATTTA	AGTTATATTG	GCGATGCTGT	AATTGGCGAA	3000
	CGTACTAATA	TTGGTTGCGG	AACGATTACA	GTAACTATG	ATGGTGAAAA	TAAATTTAAA	3060
40	AcTATCGTCG	GCAAAGATTC	ATTTGTAGGT	TGCAATGTTA	ATTTAGTAGC	ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG	ATGTATTGGT	GGCAGCTGGT	TCCACAATCA	CAGATGACGT	ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG	TGGCAAGAGC	AAGACAAACA	ACAAAAGAAG	GATATAGGAA	ATAATCATTT	3240
	ACGTATTTAA	AATGGCTAGG	ATAAAAGGAT	AATCCTATGT	AATATTAATG	TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA	TTCGCATAGT	AATGGAGTTA	CATyTTATAT	ATAATAGTAA	TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG	AGGACTATAA	ATGTTAAATA	ATGAATATAA	GAATTCGTCA	TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA	AGGAAACGAA	GCATTAGCGC	AAGAAGTTGC	TGACCAAGTA	GGAATTGAAC	3480

55

GTATTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600  
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660  
 5 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720  
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAaCAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780  
 10 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840  
 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900  
 TCGTTGTTcA CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGCACGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960  
 15 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTCG TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020  
 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080  
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140  
 20 TTGTTGTACA CACCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200  
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260  
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320  
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380  
 TGTATAATAG TTTCGTTCTG GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440  
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTTGAG CAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500  
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAA CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560  
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620  
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTTATCGAA 4680  
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3181 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

50 AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60  
 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120  
 ATTTCTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

55

TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG 300  
 CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGATT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTTAAT 360  
 5 GGGATTTGTA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA 420  
 TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG 480  
 TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGAGG 540  
 10 TATTATGGCA CCTATTGCTG CTTGGGGTAT TACAACAAC TCAATTTATCA ACTTTGGTTA 600  
 TTAAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC 660  
 AATTTTCATAC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT 720  
 15 TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA 780  
 AGAAATTTTA TTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTG TGGGCAATTG CCTTTGCAAA 840  
 TATATTTGTT TATTTCTGTC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA 900  
 AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG 960  
 AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG 1020  
 25 ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA 1080  
 TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAATT GCCATTGGTT TCTTAATATA 1140  
 TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG 1200  
 30 CACAgcAGCT GGATTAACAG GATTATTTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT 1260  
 CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAACAGC 1320  
 AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC 1380  
 35 CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA 1440  
 TTCATCTCTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT 1500  
 TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT 1560  
 40 CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTT TACCAATAAT 1620  
 TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA 1680  
 TCAGCAAACCT CTTCAATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CctCGTCTTT TGTCCAACAT 1740  
 GTCACGAAAT ATCCCgATTT AGTCGGTGTG TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC 1800  
 TCTTTAAAGC TAAATGTTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT 1860  
 50 TTAACCTCTG ATTCTTCACT AAAAATATTT TTCAACAGTA TTTTAGATTT ACACATATGC 1920  
 CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTTCGA AAAATACACT 1980

55

TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100  
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATTTCAT 2160  
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220  
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280  
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340  
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400  
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460  
 15 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520  
 aaATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580  
 TAAAAATAAA TTTAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAG ATACTCATTa AAAATGCAGG 2640  
 20 AATACCGATT TTAAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTTCGCAA GTTTAATATT 2700  
 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760  
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACAACGTTT aATCAAAAC CAAAAATTAA 2820  
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880  
 TGGTGCCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTC TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940  
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000  
 30 TAAAAATTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060  
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmTAT AGTCTTTTCGC 3120  
 ACCTAATAAA CGTGAAATAT AAGTTCCTGC ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT 3180  
 35 T 3181

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4029 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTATTTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60  
 50 TGTGCTGTT CATCCATTCA TTACAACTC CCTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA 120  
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTTGT GATTATTTTT AGAACCACAA 180

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACCGC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGTT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
15	TTAACGCTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA CTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTGCGG ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GGATATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAACTA TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGcTT	1080
	CaGTtCTAAT GTCCATATCA TTGCCcTTCT AATACAATTT TACGTATTTTc TTCACCAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGGTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTTCCAGAG CCTTCTGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAATTTT ATTATTTTTA ATTCTTCAA CTATCATTC	1320
	AGTTTCCAGA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTCGC GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTCAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTtTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTcATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTTc AAAACCCCTTc TTCTCCAAAC ATTcGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980

55

	CAAAGTGCGC GCCGTGTGCT TCGTCAATGA GTACAGGAAT ATTTAATTGG TGCAAAGATT	2100
	TGATAACCTC TTCTACATTA AATGTTTCAC CGTAATAGTT AGGATAAGTC AACACAGCAA	2160
5	GTTTGTGACC GTCATTATTC AAACGGCTTA AATTAACTTT ATTATAATGA TTCGTTAACG	2220
	GACTTTGATG CGTTTCAATA AAATGCCCTT CTTGTTGGCT AATATCGAGC GCATGTAACA	2280
10	CAGATTTATG TACATTTCTT GCCATTAAGA TATCGCCTTT TTTCTGTGAA AAAGACTGGA	2340
	TGACAGATAA TATTCCTGAA GTGGTGCCAT TCACTAAGAA ATAAGCATCA TAATCTGAAT	2400
	GTTTCTCCAC CTGCTTCATA CTTTCCAAAA TGACTTCTTC AGGATGATGT AAATCAnCTn	2460
15	AATCCAGGTA TTTCAGTTTT ATCCATTGTC ATTGATAATT GAGATAAATG ACCGATAGTC	2520
	ATATTTTTAT GACCCGGAAC ATGCAAAGAA ATCGCTTCTT CTTGATTTAA ACTTTCTAAT	2580
	TTATTTAAAA TAGGTTGCTT CATGATATAC GCTTCCTTTA TTTACTGT TTTGGAATTA	2640
20	GTTACTTTCA AAAGTATTAA TTATATAGTA ACACCTCTTT GACAAAAGTT AGTGTTACTT	2700
	ATGCAATAGC TTGTCTATTG TATAATAATT AATTTCTTTT TTGTACTTCG ATTTAAAAGA	2760
	TATTAGACAT AAAATCTAAA AACAGCAGTA AGATGATTTA TGATTAAAA CTATCTTACT	2820
25	GCTGTTCACT TTTTATAATA CTTCTGAATG TCTTCACTTA TACTTCTAGT CACAGATTTA	2880
	AATAATCAAA AGTGACACATT ATTAAAATAT CAATTTACA CTCAATGCGG CTCATCGCAT	2940
	TCATTTCTTG TCTAGCAACG TTCTACTCTA GCGGAACGTA AGTTAGCTAC CATCCTCGCT	3000
30	AAGAACCCTT CTTGACTTGT GACAATCGCT TGCTTCTTTC CTCTCCTTCG GCTCTCGCTT	3060
	ACTCATTTAG CTCTACTAAA CTCGTTGCGC TCTTTTCTCG TTTCGTCAGA TTCAAACGTT	3120
	TTCACTTCGC CAAGCCATTT TTCTTTGTGT TTACTTTTTA TTTTGACGTT TTAGACATAA	3180
35	AAAAAGAGAC cTCACGGTCT CAACTTGCCT GGCAACGTTT TACTCTAGCG GAACGTAAGT	3240
	TGGCTACCAT CGTCGCTAAA GACCTTTCTT GACTTGTGAC AATCGCTTGC TTCTTTCCTC	3300
40	TCCTTCGGCT CTCGCTTACT CATTTAGCTC TACTAACTC GTTGGCTCTT TTTCTCGTTT	3360
	CGTCAGATTC AAACGTTTTT ACTTCGCCAA GCCATTTTTT TTTGTGTTTA CTTTTATTT	3420
	TGACGTTTTA GxCATAAAAA AAAGAGACcT TGCGGTCTCA ATGCGGCTCA TCGCATCCAT	3480
45	TTTTTGCTG GCAACGTTCT ACTCTAGCGG AACGTAAGTT GGCTACCATC GwCGCTAaGA	3540
	acCTTTCTTG ACTTGTGACA ATCGCTTGCT TCTTCTCTT YCTTCGGCTC TCGCTTACTC	3600
	ATTTAGCTCT ACTAACTCG TTGCGCTCTT TTCTCGTTTC GTCAGATTCA AACGTTTTCA	3660
50	CTTCGCCAAG CCATTTTTCT TTGTGTTTGC TTTTATTTT GACGTTTTAG ACATAAAAAA	3720
	AAGAGACCTT GCGGTCTCAA TGCGGCTCAT CGCATCCATT TTTGCTGCTG CAACGTTCTA	3780

CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900  
 TTCAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGGA TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960  
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020  
 GAACCTATT 4029

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAATAT AGGTTCAAGA 60  
 ACATTTTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCm CAGAGTGCAA ACGCTTGA CTCAATACGAA 120  
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGgGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180  
 25 TGAAACAGGT GGAACAACAA TCAGAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240  
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTACATT TGATAAAGTA TTATTTGTAG GTGGAGATTC 300  
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360  
 30 AGGTCGCGGT AAAAAAATCA CTGTATTCAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAAACGTAA 420  
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT ACACTAAATT AACAATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480  
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540  
 35 GGCCATGCTG accATGGTga ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCAgCTGTA 600  
 TTGfTTGGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660  
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720  
 40 CTAATCTTTC AAACAATGCT TGTGTCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780  
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTTAAA ATTAACTTA CAATTCTTCG 840  
 CATCTAAAAA AGGGGTAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900  
 45 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960  
 GTACTAAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020  
 50 AAATCGACGG CGTTGTAAA TTCGAACGTA AAGGTCGCGA CAAAAACAA GTTTCTGTAT 1080  
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTtTTT 1140

	AGACGTTATA CTAAATGTGC AcTGTATAAG AGCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC	1260
5	AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTTAAAGAAT AAAGTGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA	1320
	TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCTA ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA	1440
10	GGTGAGATAT ATGTTTGTCTG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA	1500
	TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATT TGGTGACCAG CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTGA AGTGGATGAA GGTTAAGAA CGTTATTAGA	1620
15	TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT	1680
	GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA GACGAAgTGT TAGCAGATCT TGTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTTGCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATTGGGGC ATATCATTTT ACAACGATTA AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT TCAACGCCTG ATCAACGTAG TTTTGTATG GCAGATTTAC CAGGTTTAAT	2100
30	TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC	2160
	AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA	2280
35	AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA	2340
	AGAAGAAATT GGCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC	2460
40	AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAAACATA CACCGTCACA	2520
	AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG TTTAAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTTGCTCG	2640
45	TCAAATGCGT TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA ATTCTTGGCG GAGAATTTGA ATTCGTTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCCTG AATCCGTGGT	2820
50	TAAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG TTTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATAAA TATAGAGAAA CGATATTTCC	2940

55

	TGTTGGTATG	TTGGCACGTG	TACTAGATGT	TATATCAAAG	TTAGAACTAT	CTGTATTAAC	3060
	GATTTCATCAA	AGTATTCCAA	TGGAAGAAAA	AGCAACAATA	ACATTATCAC	TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA	ACTTCAGTAG	AAGATGTTAT	TGGCGCTTTG	AGAAATTTAG	ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA	TTAATTAGTA	TGAGTATGTA	AGGATGTGCC	TATAATGTAC	GCGTATGTCA	3240
	AAGGTAAGTT	AACACATTTA	TATCCTACAC	ACGTAGTTGT	TGAAACTGCT	GGTGTGGTT	3300
10	ATGAAATTCA	AACACCAAAT	TCTTATCGTT	TTCAAAAGCA	TCTAGATCAT	GAAGTTTTAA	3360
	TTCATACATC	TTTAATTGTT	CGTGAAGATG	CACAATTATT	GTATGGATTT	AGTAGTGAAG	3420
	AAGAGAAAGA	TATGTTCTTG	AGTTTAATTA	AAGTTACTGG	TATTGGTCCG	AAATCAGCTT	3480
15	TAGCTATTTT	AGCGACAAGT	ACGCCTAATG	AAGTAAAACG	TGCCATTGAA	AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT	AACTAAATTC	CCAGGAATTG	GTAAGAAAAC	GGCAAGACAG	ATTGTCTTAG	3600
20	ATTTAAAGG	TAAAGTGAAG	ATTACTGAAG	AAGATAGCGA	TTCATTATTA	CAAGTAGACG	3660
	CTACTTCGAC	GGTGCAAGAT	CAATTCGTGC	AAGAAGCAAT	GTTAGCGTTA	GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA	ACGAGAGCTT	GCAAAAGTTG	AGAAAACGTT	AAATAAAAAT	AAATATGACT	3780
25	CAGTTGATGA	AGCTGTTAAG	GCAGGTCTTC	AATTAGTTGT	ATCTTAATTT	TAAATAGATT	3840
	AATAGGGGAA	GTGTTGTCAT	GAATGAGCGT	ATGGTTGATC	AATCAATGCA	TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTTCG	AATTGTCGCT	TAGACCTACG	AGATTACGAC	AATATATTGG	TCAAAATTCA	3960
30	ATAAAAAGTA	ATTTAGAAGT	ATTTATTAAA	GCGGCTAAAC	TTCGTCATGA	ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC	TTTTTGCCCC	CCCTGGATTA	GGTAAGACAA	CATTATCTAA	TATCATTGCC	4080
	AATGAAATGG	AAGTTAATAT	ACGTACAGTA	TCAGGGCCTT	CATTAGAAAG	ACCTGGTGAT	4140
35	TTGGCTGCAA	TTTTATCAGG	ACTTCAACCT	GGAGATGTTT	TGTTTATTGA	TGAAATACAC	4200
	AGACTGAGTA	GTGTTGTTGA	AGAAGTGTTA	TACCCTGCAA	TGGAAGATTT	CTTTTATAGAT	4260
40	ATTATCATTG	GTAAAGGCGA	TGAGGCTAGA	AGTATCCGTA	TCGACTTACC	TCCATTCACT	4320
	TTGGTAGGTG	CAACAACGCG	AGCTGGCAGC	TTAACAGGTC	CACTAAGGGA	TCGATTTGGT	4380
	GTGCACTTAA	GATTAGAATA	TTATAACGAA	TCAGATTTAA	AAGAAATCAT	TATTAGAACA	4440
45	GCTGAGGTTT	TAGGCACAGG	TATTGATGAA	GAAAGTGCCA	TTGAACTTGC	TAAACGTTCT	4500
	AGAGGGACTC	CAAGAGTAGC	AAATCGACTA	TTGAAGCGGG	TAAGAGACTT	CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG	AACAAATATA	CATTGAAACA	ACGAAGCACG	CATTAGGTTT	ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG	GACTAGATTA	CATTGATCAT	AAAATGATGA	ACTGTATTAT	TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC	CTGTTGGTTT	AGATACGATT	GCCGTAACAA	TTGGTGAAGA	ACGTATTACA	4740
55							

GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA 4860  
 5 TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC 4920  
 TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA 4980  
 ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA 5040  
 10 CGATACGCGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT 5100  
 TGAAATGTTA ATGTTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC 5160  
 TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG 5220  
 15 CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA 5280  
 AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA 5340  
 TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCCAGCG CAGCACCAAC 5400  
 20 AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT 5460  
 CGCATTGTGT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT 5520  
 GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT 5580  
 25 AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACTTC AACACGTACA 5640  
 CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA 5700  
 TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA 5760  
 30 CCAAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTTCGAAT 5820  
 GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA 5880  
 35 ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA 5940  
 AACTTGTAAC CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGCAC ACACCACACG GTTCATTTGA 6000  
 AACCTCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA 6060  
 40 GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTACAACC 6120  
 CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC 6180  
 GATTCTTACA GATTCAGGCG GTTTCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC 6240  
 45 AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA 6300  
 GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG 6360  
 TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG 6420  
 50 GGCAGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT 6480  
 ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA 6540

55

AATGGTTGAA CATACAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT 6660  
 AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTCGCGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT 6720  
 5 CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTTAGTTAT 6780  
 TAAAAATGCA AAATTTGCAG ATGATTTAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC 6840  
 ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAACTTTTGG 6900  
 10 TATTCGTCTT ACTACTATTC ATAATTTACA TTTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG 6960  
 ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAGA TTTCAAAGAA GAATTCTTCG AGCAATATGG 7020  
 15 ATTAAATGTT GAGAACCCAA AAAACTTTTTA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC 7080  
 ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTTGC GGTTATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA 7140  
 ACAAAAAC TGCGAAACA 7159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

30 TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAAaA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA 60  
 AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA 120  
 35 ATTTGATTTT GTAAAAGATA AAAAATATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTTA AGATGCAAGG 180  
 CTTCATTAGC TCTAGAAaCAA CATATTCAGA CTTAAAAAAA TATCCATATA TTAAAAGAAT 240  
 GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GAaAACGAAA GACTCTAATG TTGATTTAAT 300  
 40 TAATTATCTT CCTAAAAATA rAATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA 360  
 TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC 420  
 TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAAACTA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA 480  
 45 AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTCGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC 540  
 ATATGATCAA TACTTATTTG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCACGAG ACTATTTCTG 600  
 50 CCCAGATAAT CAACTACCTC CTTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC 660  
 ATTGTCACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATcACTT ACGGCAGAAA 720  
 CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAAATGA 780

	AAAAATTAAA AGCATCACAC CTAAGTAAAC AGTTCaATCA TCTTAAAAAA TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT GTCTCAGGAT TTTTmACAA ATTGAATCAG CCTCATAACA TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA TTAAATTTAA TAATAACAAC TGATTTTTAT AAGAATAAAG TATCGAmCCA	1020
	TAGTAGATAC ACAAATAATA CAAATGAAAC AATTTAACCTT GAAAGCTTAa ATAAATATTA	1080
10	TCAAGTTAAT AAACAATTAA TTTTtagATG GATTcatCAA AAATCGTAAA AAAGCACAAT	1140
	TTGTATTTTA CAAACATTAA TTAAAAAGA AAGCAAGACA TTCGTGCAAT CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA CAACTGTCAA CAATACCAAG GTTTTATTAA CTATATTCT CACAAAATTA	1260
15	GCTTTTAGCA TTCCAAACAA AAAAGGTTAA ATCGAACGGA ATTATGGCAT TTTTAACTTA	1320
	ATTGTAAAAA AAGTTGATAA TGGTCAATTG TTAATGAACA GTTAATTATA ATAACGCCCA	1380
	AAATATATTA TTATTAAATT AAGTTAAATA AAATTATAGA AAGAAAGTGA AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA ATATTAACTA CAACTTTATC TGTGAGCTTA CTTGCCCCCTC TTGCCAATCC	1500
	GTTATTAGAA AATGctAAAG CTGCTAACGA TACTGAAGAC ATCGGTAAAG GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC AAAAGGACAG AAGATAAAAC AAGTAATAAA TGGGGCGTGA CTCAAATAT	1620
25	TCAATTTGAT TTTGTAAAGG ATAAAAATA TAACAAAGAT GCTTTGATAT TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCAAT AGCTCTAGAA CAACATATTA CAACTATAAA AAACTAATC ATGTTAAAGC	1740
30	TATGCGATGG CCATTCCAAT aTaATATTGG TTTAAAAACA AATGATAAAT ATGTTTCTTT	1800
	AATTAATTAT TTACCTAAAA ATAAATTTGA ATCTACAAAC GTGAGTCAGA CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT GGTAATTTCC AATCAGCCCC ATCACTCGGT GGTAATGGAT CATTTAACTA	1920
35	TTCTAAATCG ATTAGCTATA CACAACAAAA TTATGTAAGT GAAGTAGAAC AACAAACTC	1980
	AAAAAGTGTT TTATGGGGCG TCAAAGCGAA TTCATTGCGC ACTGAATCAG GTCAAAAATC	2040
	AGCCTTTGAT AGCGATTTAT TTGTAGGCTA CAAACCTCAT AGTAAAGATC CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA GACAGTGAGT TACCACCTCT TGTACAAAGT GGATTTAACC CTTCATTTAT	2160
	CGCCACAGTA TCTCATGAAA AAGGTTCAAG CGATACAAGC GAATTTGAAA TTAATTACGG	2220
45	AAGAAACATG GATGTCACTC ATGCCATTAA AAGATCAACG CATTATGGCA ACAGTTATTT	2280
	AGACGGACAT AGAGTCCATA ATGCATTTGT AAATAGAAAC TATACTGTGA AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG ACTCATGAAA TCAAGGTGAA AGGACAGAAT TGATATGAAA ATGAATAAAT	2400
50	TAGTCAAATC ATCCGTTGCT ACATCTATGG CATTATTATT ACTTTCTGGT ACTGCTAATG	2460
	CTGAAGGTAA AATAACACCA GTCAGCGTAA AAAAAGTCGA TGACAAAGTT ACTTTATACA	2520
55	AAACAACAGC CACAGCAGAT TCTGATAAAT TTAAAATTTT ACAGATTTTA ACATTTAATT	2580

	ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG	2700
	CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG	2760
5	CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG	2820
	GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTTTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG	2880
	AAACAATTAA TTATAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA	2940
10	AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG	3000
	GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA	3060
15	GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA	3120
	ACTTCAATCC AGAATTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC	3159

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3821 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

30	GCAAAAACCTT TTCTCCAACCT ATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA	60
	ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTTTA TTTGCATTAT	120
	TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTTGTTTCAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG	180
35	ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT	240
	ATTGACTTAT CCGGCATTTC AGATTAAAAT ATTTTATTC CGATTAGAAT AATAAGAATA	300
	AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTCGTT TTCATATTGG	360
40	CTGCATGCGG AAACAATTCG TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA	420
	ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA	480
	CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AAACCTAAAT	540
45	TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTAGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA	600
	TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT	660
50	ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG	720
	ATGATGTTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA	780
	AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTTATTAT	840

	AAAAACCTAA TGcTAAGATC AAAGCAATCA AAGGTAATGC TGAACAAAGT AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC TAAAAAAGCA GATGATGAAA CAGTTCAAAA ATTCAATGAT GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA AAACGGTGAA TTAGCTAAAA TAGGTAAGAA ATGGTTTGGT CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA ATAGCGAACA ACAACATGCG CTAGATGCTG CAAAACAAGC TTTCGGACCT	1140
10	ATGCTAGAAG GTTTGGTCAA ATATTCAATT CCTATTACAT TAGTTACATT TGTTTTAGGA	1200
	TTGATTATTG CATTATTTAC AGCATTAAATG CGAATTTCAA CGAGTAAAAT TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACGTCG TCTATGTATC TATTATTCGA GGAACACCAA TGATAGTACA ACTATTTATC	1320
15	ATATTTTATG GTATTCCAGA ATTAGGTAGA TTATTAACAA ATGACGCTGA CAACCAATGG	1380
	ACATTGGCAC CTGTAGTGCG TGCTATTATT GGTTTATCAT TAAATGTAGG TCGGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA TTCGTGGCGG TATTATTTCT ATACCGAAAG GACAAACAGA AGCTGCaTAT	1500
20	TcCaTCGGTA TGACGTATGG TCAAACGATA CAACGTATCA TTTTACCGCA GGCAATTCGA	1560
	GTGTGCATTG CTGCACTAGG TAATACATTT TTAAGTTTAA TCAAAGATAC ATCATTATTA	1620
	GGATTTATTT TAGTGCTGA AATGTTTGA AAAGCTCAAG AAGTTGCGTC TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA CAATTTATGT GTTAGTTGCG CTAATGTACT GGGTGGTATG CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC AAGGTATCTA TGAATCTTAT ATTGAAAGAG GGTATCGCTC ATGATTCAAT	1800
30	TGAACAATAT CCATAAATCA TTTAATGATG TTGAAGTCAT CAAAGGTATT GATTTATCTG	1860
	TTGAACAAGG TGAGGTTGTA ACCTTAATCG GTCGATCTGG TTCAGGTAAA ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT TAATGCATTA GAAATTCCAA CTGAAGGTAC AGTTTATGTT AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC TAAAGATAAA AAATCACAAA TAGAAGTTCG TAAACAGTCT GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA TAACCTTTTT CCGCATAAGA CGGCATTAGA AAATGTAATG GAAGGTCTTA	2100
	TCAcAGTTAA AAAGTTGAAA AAGGATGAGG CACGTGGGAA ATCACTTGAG TTACTTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT AACACATGTC AAAGATCAAC GTCCACATGC ATTATCAGGT GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC TATTGTCAAG AGCACTAGCA ATGAACCCTA AAGTGATGTT GTTTGATGAA	2280
45	CCAACATCTG CACTTGATCC TGAAC TTGTG AATGATGTTT TAAAGGTTAT TAAAGATTTG	2340
	GCTAATGAAG GCATGACAAT GGTCAATTGTG ACACATGAAA TCGTTTTTGC TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA TTGTATTTAT TcmTGAAGGC ATGATCGGAG AACAAGGGGC TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC GTCCGAAAAC AGAAGAATTA AGACGTTTCT TAAATGTTAT AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA GAACCACGTA TCATGTTTTA GTATGGCGAT GAAGCCATAT ACATGATGCG	2580
55	TGGTTCTTTG TTATGTTGTC ATAATCTTGG AGCGATATTT TAACGACGTT TATGATTTAA	2640

TTCTACATGT GCGTTAAAAC CTTTTTTGAA TTGTTGGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC 2760  
 TGAAAAGTCA CCGGTAATAC CATAAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA 2820  
 5 CTTAATCATT TCCCactGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA 2880  
 ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT 2940  
 TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTTGTTT TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT 3000  
 10 ATTTAGCTGT TGTCTAGCT GTGTGCGTTT CGTTTTATTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC 3060  
 TTCCAATGCT TCTTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTGTGTGCT TTAATTGTAA 3120  
 15 CGTTTTTAAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTCAATCGTA 3180  
 TAACTTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC 3240  
 AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT 3300  
 20 GACACCAAta TCaTATGTtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA 3360  
 AAGTTGGTCT TCAGTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAACGGA TTTGGCTCAT 3420  
 TGAATCATAA CCTACAGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTATCCA TTGTTCTaAC 3480  
 25 AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTTAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT 3540  
 TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC 3600  
 TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT 3660  
 30 ATAAAAATAT TTGAAAAATT TAAGTGTGCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC 3720  
 TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CCTTTTAAAT CAACTCTATG 3780  
 35 ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGAAAAATGC T 3821

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1422 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

GCGACACCAT TGTTTGcAGC AACTGTTAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CGGTGTTGTT 60  
 50 GGTTTTGATG GTGTAGTAGG GGtagTTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC 120  
 ATTTTTATTA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA 180  
 CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG 240

TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA 360  
 TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTTACCGAC TGCACCGACA 420  
 5 CCCCAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA 480  
 TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTTC ATATAACTAA TTTCACCATT TATCGTCGAA 540  
 CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT 600  
 10 GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT 660  
 TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT 720  
 15 TTTGGTGTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT 780  
 GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TGCGGTTTTA 840  
 TATTGCGTyT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTTAA TTAATTCTGG ATTAATTTGA 900  
 20 TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AACTATAAC CAGCATTGTG AACATTAGTG 960  
 TTAGTTTtag GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC 1020  
 GCTGATTGAT TAGCACGAGT GTCACCATTT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT 1080  
 25 TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT 1140  
 ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTcAGTA 1200  
 GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTCGTC 1260  
 30 TCAGCTGCTT GAACTTGATG TGCAGTGA CTGTAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT 1320  
 GAgGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTTCGCCA TTCTATTTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT 1380  
 35 TATtACTAAC ATTATAGTAC CTGtntTATA TACCTGTGCG TA 1422

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6076 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

ACGCGTTGGT TATTTCAATC ATAATATTAC TCTGCAAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA 60  
 AATGGATAGA GATTTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG 120  
 50 CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAACTG AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG 180  
 GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTTAAG AGCTTTAAAT 240

	GTAGATAATC	GAATTATTCC	TAAAAATATA	ACTCAAACA	CAATCTTCAA	ATTGAGTAAT	360
	TTAACCTTAG	AGGTTAACCT	CTATGAAAGA	AACACAATTT	ATCACGGAGA	CTTTGCTATT	420
5	TACTATCCTG	TAGAATCTGC	TCTAATAATA	GAAACAGATA	CTCCTAGGCT	AATTAATCAT	480
	ATAAATAACA	ACCCAGTCCA	AAAAATATTT	ATAATAACAA	CAAATGACTG	GAGCTTTAAT	540
10	ACACTTGaAT	TAGAAAAAAT	AGTAGACGAA	ACTATAATTT	ATGATTTAAA	ACAAGAAGAT	600
	CCTAAACAAT	ATGAAATTTT	ATATAAAAAAT	AAACACGGAA	AATTGCCTTA	TTGATGAATT	660
	AAAACGCAAA	CTTAGAACAC	CTTACCCCTT	TTCCGTCCTT	ATTGTAATTT	TCCAACTACT	720
15	CAAATTAAAA	ACCACCCGTG	CAAACAGGTG	GTTTTATTAT	ATATAATTAT	TCCCACTCAA	780
	TTGTGCTTGG	TGGTTTTGAT	GTAATGTCAT	AGACTACGCG	GTTGACGTGA	TCTACTTCGT	840
	TTACGATACG	ACTAGAAATC	TTTTGTAAGA	CTTCCCAATC	GATGCGTGCG	AAGTCACTTG	900
20	TCATACCGTC	GATAGATGTT	ACTGCACGAA	TACCTACTGT	GTGATCATAC	GTACGGTAGT	960
	CTCCCATAAC	ACCTACTGAT	TGAATGTTTG	GTAACACTGT	GAAGTATTGC	CAAATTTCTC	1020
	TTTCAAGACC	TTCTTCTCTA	ATCACTTGGC	GTAAAATCGC	GTCTGATTCT	CTAACGATTT	1080
25	CTAGTTTATC	TTCAGTAATT	TCTCCAAGTA	CACGAATACC	AAGACCAGGT	CCTGGGAATG	1140
	GTTGTCTCCA	TACTAAATGT	TCTGGAATAC	CTAACTCAAT	ACCTAATTTA	CGTACTTCAT	1200
30	CTTTAAACAA	TGTATTGATT	GGTTCGATTA	ATTCGAATTC	CATGTCTTCT	GGTAATCCAC	1260
	CAACATTGTG	GTGTGATTTG	ATTGTTTGTG	CTGTTTTAGT	ACCTGATTTCG	ATGACGTCTG	1320
	TATATAGTGT	TCCTTGCGCA	AGGAAGTCTA	CACCTTTCAG	TTTTGATGCT	TCATCATCAA	1380
35	ATACGTATAC	AAATTCATTA	CCAATGATTT	TACGTTTTTG	TTCAGGATCT	GAAACACCTT	1440
	TTAATTTATT	CATAAAGCGA	TCTTTCGCAT	TAACACGAAT	AATATTCATG	TTGAAACCTT	1500
	CACGAATTG	CTCCATAACC	ATGTCGCCTT	CACCTTTACG	AAGTAAGCCA	TGGTCTACAA	1560
40	AGATACATGT	TAGTTGATCA	CCTATTGCTT	TATGCAATAG	TACAGCTACA	ACAGATGAAT	1620
	CTACGCCGCC	ACTCATCGCA	CATAATACAC	GACGGTCTCC	TACGCGTTGA	CGAATCTTTT	1680
	CAATTTTCGAT	TTGATAAAG	TTTTCCATTG	TCCATTGACC	TCTACAATCA	CAAACACGAC	1740
45	GGACAAAATT	ATTTAATAAA	TCATTACCAT	ATTCTGTATG	ACGTACTTCT	GGATGGAATT	1800
	GAACACCATA	AATGCGACGT	TTCTTATCTT	CGATTGCTGC	ATAGTCTGTG	CTTGGGCTAT	1860
50	CAGCGATAAC	TTCAAAGCCT	TCTGGAATTT	CAATAACTTT	ATCAGAATGA	CTCATCCAAA	1920
	CAGTTTGTTC	TGCTGGTAAG	CCAGCGAATA	ACTCATCTGA	CTTCGCATTA	ATGATTGCTT	1980
	TACCGTATTC	ACGTTTCATTG	GCACGTTCAA	CTTTACCACC	TAATAATTTA	GTAGTTAATT	2040
55							

	TAAATGAACC TTCTTCATAA ACTGAATTTG GACCACCTGA TAAGATAATA CCTTTTGGAT	2160
	TCATTTTCTT AATTTCCTCA ATTGAAATTT CATGATCGTG TAATTCACCTA TAAACGCCCA	2220
5	TTTCACGAAT TCGGCGTGTA ATTAATTGGT TGTATTGGCT ACCAAAGTCT AAGACAAGGA	2280
	TTAACTCTTG TTCTTTTGCC ATTTCCATAT TTGTCGTTCT CCTTTATCTT AATTAGAATG	2340
10	AGTAGTTCGG TGATTCTTTC GTAATTTGAA TATTATGTGG ATGGCTTTCT GCTAAACCAG	2400
	CAGGACCCAT ACGTGTAAT TGTGCTTCTT CGCGTAATTC TCTTAAATCG TGTGAACCAG	2460
	TATAACCCAT ACCAGCACGC ACACCGCCCA TTAATTGGTA AATTGTATCT TGTAACGCAC	2520
15	CCTTTATAAGC CGTACGTCCT TCGATACCTT CAGGAACAAA TTTCTTAGGC GCTTTGTCCT	2580
	CTTGGAAGTA ACGGTCGTTT GAACCTTTTT CCATCGCACC TAAAGAGCCC ATACCACGGT	2640
	ATACTTTATA TTGTCTACCT TGGAAAATTT CTGTTGCGCC TGGGCTTTCT TCAGTACCTG	2700
20	CTAATAAGCT ACCTAACATA ACCGCATGTC CACCAGCAGC TAATGCTTTA ATGATATCTC	2760
	CTGAGAAATTT AATACCACCA TCAGCAATGA TAGCTTTACC ATGTTTGCGT GCTTCAGTtG	2820
	CACAATCATA AATTGCTGTA ATTTGTGGTA CACCAACACC TGCTACAACA CGCGTCGTAC	2880
25	AAATTGAACC TGGGCCAATA CCAACTTTAA CAATATCTGC ACCCGCTTCA AATAAATCTT	2940
	TTGTTGCTTC TGCAGTTGCT ACGTTACCTG CTAATAATGT GATTTCTGGG TAAGTCTTCT	3000
30	TAATATGTTT CACTTGATCG ATAACACCTT TAGAGTGACC ATGTGCTGTA TCGATAACTA	3060
	AGACATCCAC ACCTGCTTCG ACTAATTTTT GAGCACGAAT ATCAGTATCT TTTGAAATAC	3120
	CAATTGCTGC GGCTACAAGT AGACGACCAT GTTCATCTTT TGCTGCATTA GGAATTGGA	3180
35	TAACTTTTTC AATATCTTTA ATAGTAATAA GACCTTCTAG ACGTCCGTCT TTAACATAATG	3240
	GTAACTTTTC AATCTTATGT TTTTGGAGAA TTTTTCTGC TTCTTCAAGT GTTGTATTCA	3300
	CTGGAGCTGT AATTAAATTT TCTTGCCTCA TTACATCTAC AATTTTAATC GAGAAGTCTT	3360
40	CAATAAAACG TAAGTCACGG TTTGTTAAAA TACCTACTAA GTTGCATCT TCTTTATTAT	3420
	CAACAATTGG TACACCTGAA ATACGGTATT TACCCATTAA TGCTTCTGCT TCATAAACGC	3480
	TTTCTTCTGG CGTTAAGAAA AATGGGTTTG AAATGACACC ATTTTCTGAG CGTTTTACTT	3540
45	TTTGAACCTC GTCCGCTTGT TCTTCAACGC CCATATTTTT ATGAATAACA CCTAAACCAC	3600
	CTTGACGAGC CATAGCAATC GCCATTTTAG ATTCACTTAC AGTATCCATA CCAGCAGAAA	3660
50	TAACTGGAAT ATTTAATTTA ACTTGTCTG ATAATTGTAC GCTTAAATCA ACGTCTTTTCG	3720
	GTAAAATATC AGATTGTGCT GGAATTAATA ACACATCATC AAACGTTAAT GATTCTTTTG	3780
55	CAAATTTACT TTCCACATT AAAAAACGCC TCCATTTTTT AAATTAATTA GTTATATTAT	3840

	GCAGAGATTG	CGCCTAAAAC	AATTCCGTTT	TGAGTCAACC	ATGCAAATTG	TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG	CTTGTGGTAC	AGCGCTTATA	CCAGTACCTA	AtCCTACTGA	TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT	TGTTTTGATT	TTTAAATCG	ATATGTCCTA	ATATACTAAC	ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC	CAACATAGC	TATCATCGCA	CCGCCTAACA	CAGGTAGCGG	TATGATATTT	4140
	GCTAATGCGC	CAAGCTTAGG	TATACAACCA	CATATAAGTA	ATAACACGAC	CATGCCGTAT	4200
10	ATAACATTGT	TTTTCTTAGC	GCCGGATAAA	GAAACAAGTC	CTACATTTTG	CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA	ATGAATTGAA	TATAGAACCT	AaACTATCG	CTAGACCTTC	CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA	AATCTTTTCT	TTCTAACTTC	TTACCGGTAA	TTTCACTTAA	CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTCT	ACTCAATTAA	ACTAACGATA	GCTACAATAA	AGAACACTAA	CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC	TAAATCCAGA	GAATCTAAAC	GGCACTGGGA	TGCCTAACCA	ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT	TAATATCGAC	CATCCCAAGT	AAGCCAGCAC	CTATCGTTCC	TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA	TGGCAATACT	CTTAATAAAT	CCAGTTGTGA	ATCTTTGTAA	AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAATG	TCATTAAACC	TAACAAAATG	TTCTTAACAT	CTCCATAGTC	CTTTGCACCT	4680
25	TGACCTCCAG	CTAAGTAATT	CATTGCTACT	GGCATTAAAT	TGATACCAAT	GATAGTAACA	4740
	ACACTACCCG	TTACTACTGG	TGGGAAGAAT	TTTACAAGAT	GTGAAAAGAA	AGGCGCGATG	4800
	ATAATAACTA	ATATCCCTGA	TAAAAATAGC	GAACCATAAA	GTACATCTAT	TCCTTTCGTT	4860
30	TGACCAATTA	AAATCATGGG	CGCAACAGCC	GTGAATGTAC	ATCCAAGAAC	GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCCCTG	TTACTTTATT	GGCTTGTAAG	AATGTGGCAA	CCCCACACAT	AAATATATCT	4980
35	ACTGTAACTA	AGTAAGCGAT	TTGTTCAGGT	GTAAACTTCA	AACCTGTACC	AACAATGATT	5040
	GGAACTAAGA	TAGCACCTGC	GTACATAGCT	AAAAGATGTT	GAACACTTAG	GATTAAATTT	5100
	TTCAATTATTC	TTCTCCCACC	AATGTCACCT	TGTTTCCTTC	TAGTGAAGCA	ACCTTGCAGA	5160
40	GAGAAGAAAC	TGTTAAACCT	GCTTCTTCTA	AACGTTGATG	CCCATTTTGG	AAACTCTTTT	5220
	CAACAACAAT	ACCAATACCA	GCTGTCTTAG	CATTGCTTGG	CTGTGCGATA	TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC	ATCACCATTT	GCTAAAAAGT	CATCGATGAT	AAGTACAGTA	TCTTCTTCTG	5340
45	ATAAAAACTC	TTTTGAAACA	ATGACCGTAC	TTGTTTTATT	TTTAGTAAAT	GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA	ATAACCATCC	GTCAAAGTGC	TAGGTTTTGC	TTTTTTTCGCA	AATAAACATG	5460
50	GCACATCAAA	ATGCAGTGCA	GCCATGATTG	CAGGTGCGAT	ACCGGAAGCT	TCAATGGTTA	5520
	AGATTTTAGT	AATCCCTTTA	TCTTTAAATT	GCTCGTAAAA	AGTGCGACCA	ACTTCATTCA	5580
	TTAACTTTGC	ATCAATTTGA	TGATTTAAAA	ATCCATCGAC	TTTTAAAAATC	TTCTCATCAA	5640
55							

ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAAACTAA 5760  
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820  
 5 TGTAAGAGAA GTTTCATCAA ATAAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880  
 CCATGGTTAC AATTTAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTTAC TCATAGTCAT 5940  
 10 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000  
 ATGTAAATTA TTTAACGATA ATAGCAAATT TTCGGCATTT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060  
 ATCTTTTAAT AGTTTT 6076

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6136 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60  
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120  
 30 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTTGGAT 180  
 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240  
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GcAATTTCTT TACTGTGGCT 300  
 35 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360  
 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATTCTTC TCCAAAATAT GCAGCTCTAC 420  
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480  
 40 AAGTTTCACC ATTTTAAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540  
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600  
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAACA AAGCTAAAGC 660  
 45 CATACAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAACAT TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTGTA 720  
 ACAATGATTG CATGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780  
 50 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840  
 GTTTTTTAAA CGTTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATTC ACTTTCATTT 900  
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATTCACCTCT TATTTAAAGT ATTGACTTGT 960

	ACCTTGCATG TCTAAAGATG TCAATAATC ACCAACAAAC CATTTAGCAA CATTAAACCGT	1080
	TCTTGCAGCT AAATTTTGTT GAATATATTT AGTTACGATA TTTAATTCAG ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA CCATTTACCA TTAATATGAC ATCATTGGCA GTAACCTCTT TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAAT GTTCCAACAA TATGATCAAT ATCCTTTACT TCTTCCCTAT GAATACCTTT	1260
10	TTCACCATGT ATACCAATAC CGATTTCCAT TTTGTCGTCT TCAATATCAA AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT GGAACAAGCG GTGGCTCAAT TGCCATACCA ATACTTTTAA TTTCAGGTAA	1380
	CAACGCTTCT ACACGCGATT TTATCTCTGT TAATGAATAA CCTTTTTCAG CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA TGAACAAACA CTGTTCTGTC AACACCACGA CGTTGTACTT CGTTTGTGAC	1500
	AGCAATGTCTG TCACGAACAA TAACAGTTTG AACATTTATA CCTTCCATTT CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT TCGAAATTCA TCACGTCACC TGCATAGTTT TTTACAACCTA GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA TCTACTGCTT TAATAGCTTC TAATATTTTA TCAGGTGTAG GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA CAAACCGCTG CATCTAGCAT ACCTTCTGCA ACAAACCGG CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG CTTCCACCTC CAGAGACTAT TGCTACACCA TGTTCTTTCT TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT GTATTAGCAA TCAGATCTAA CTCTGGGTGC GCAATTAACA ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT AAAAATGTTT CTTTTTTATT GATTAACCTT TTCATCATGT TGTACCTCCT	1920
	TGGTATTATC AGTCATAGTA TAAAACAGAA TAAATGAATG CGCTATCATA AAGAATTAAC	1980
30	CTGATACCGT TATCAAATAT ATTTTGTGATA AGATCCTCTT GATAACTTAA TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT AAATAGTCTT GAGTGGCTCA TTAAATAAAA AATGCTATGA AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC CTTTCATAGC aATAAGTTGT GTCCATTGAC ACTATACATT TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT ATAAGAAATA CGGTGCACCA ATAATTGCTA CGACAATACC TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT GTAATACAAT TTTGCCAATT GTATCAGCTA TAACAAGTAA ACATGCCCCT	2280
40	ACTAAATGG CAATTGGTAA AAACAACCTGG TGACGTGGTC CAACGATACG TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA TTAATCCGAT AAACGAAATT GAACCTGCTA CTGCTACAGC AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG CGATAAAGAA TAATATTAAA CGTTCTCTGC TTAACCTTAC ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT TATCACCCGT ATGAATAATA TTTAGTGTAT TCGATTTAAA TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA TCAACACCCA CGGTAAAAAT GCAATGACAA ATGGCCATTC GTCACCCCAA	2580
50	ATATTACCTG CAAACCAAGC AGCGATGAAA TCAGATTGCT TATCATCAAA TTTTGACATA	2640
	ATTGTAATTG AGCCACCATA TAATGCTGTT TGTAACCTA CACCTATTAA TACCATACTC	2700
	GCAGGTGTAA CACCTTCATT TTTATTAAAA CTGaAAATAA AAATAATCaA TGCAGTGgTG	2760

55

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACTGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	GTTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGCTGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTGT AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGTATTCA	3060
10	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
	ATCAATTGTC TGCCTTTATT ATTTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
15	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAG GCTGTTAATG	3300
	GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTCCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTCAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAATGTTAC TGTTTGATTT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
30	TAGATCGGCC TATCATTAAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AAAGTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTGTCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TTAATAATAG	4020
	CCTCTATAAT TGTAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GGCGTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTTAG GATCTTTACT	4260
45	TAAAACAACA TCAATATTAA AAACCTTTTTC TAATATTTC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
50	CGCTTGGTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTTCTT GATTTAGCTT	4440
	CTGAACTAAT TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
55	TAAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG	4560

TGCCCAATCA ATtTCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG 4680  
 AAAACGACCA TATGAAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG 4740  
 5 aGGTAAaATG GcTATTTTTt TGcAATCyCy TTCGTAGATt GTGtATGAAT ATTTTCACcA 4800  
 TCTAAAAATA CTTCGCCTTC TTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA 4860  
 GATTTCCCGC AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCACCTT TGCCATCTGG TATTTCAACA 4920  
 10 TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTTG TCCATGCAAA 4980  
 CGATTcATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCTTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT 5040  
 TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATTa 5100  
 15 TAACATTTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTTTAA TTGGATAGCT CGATTTGTCA 5160  
 TGTCTGTAT ATTACTTTTA TAAATAAAA AACGCCACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA 5220  
 20 AAAGTTGTCC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGCTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG 5280  
 CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT 5340  
 CGATTTGTTT AATTAATCGC TTTGCTTTTG AAAGTTGTGT TTTAGAAATA ACAACGTATA 5400  
 25 AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAAGTGGT AAACCTCTTC 5460  
 CAATTTGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG 5520  
 CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTTGTTTCT ATATAAAGTG 5580  
 30 ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA 5640  
 TCATATCGAA GAAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTT GTTGCAATTC 5700  
 TCGCCAAAAT TGTTGTACCT GCTGTTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTCTTA 5760  
 35 GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTCCAGTT TCTACTTGCC 5820  
 ATGATTTCTGT TAAACTCAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA 5880  
 40 TACTTCTCTT ACTCAAAAAt TTATAAcCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT 5940  
 TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC 6000  
 CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATAAATA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG 6060  
 45 AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT 6120  
 ATATTTATTA GACTAT 6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2576 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAs	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTTCTTTAA	ACGTTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TTGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
10	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTT	AAAATTCGTA	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTG	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTGGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGC GTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
30	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTA AAAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GtTcAACGAT	GTTAAATAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAACCGACT	TAACTTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTTACTTA	TGTGGTAATT	TCCAATTTGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTTATACC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
50	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTAGTA	GGCGGTATAC	1500
	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620

55

TCACTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC 1740  
 ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC 1800  
 5 CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAAC TA GATAATAGTG 1860  
 AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT 1920  
 TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG 1980  
 10 AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT 2040  
 CtAtkGTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG 2100  
 CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC 2160  
 15 TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT 2220  
 TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTTTCAAT ACCAACACCT GTTGCAGTAA 2280  
 20 TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG 2340  
 CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTAITT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA 2400  
 CAATTAACAT TCGGTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA 2460  
 25 TAGGTTTATT TGTCTTGA CAACGTACCG CATCCGATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG 2520  
 AAGTTGTTTCG TAAAGAAGCA ACGCTCTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT 2576

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40 CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTGC TAATAATTTT TTCTTGTCTT GGTGAAACG 60  
 TTTCATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGCATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG 120  
 TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG 180  
 45 TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT 240  
 GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTCTT ATGCGTTTCA TCAATTGTTC 300  
 ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTTC CGTACAGTTG TAGAAGATTT 360  
 50 AGATTGTTGC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAAC TTTCATAATC 420  
 TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC 480

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTGTGCG GTTCATCTAA 600  
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660  
 5 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60  
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120  
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTAC TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180  
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTTAA 240  
 25 TTTTATTTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTAGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300  
 CGAAAATTTT TCTTAAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360  
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATACTTTC CAATAATGAC 420  
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480  
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540  
 35 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600  
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660  
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720  
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780  
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTTAC 840  
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900  
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATTT GTATTTGGGC 960  
 CATGTTCACT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020  
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTTCCAAG 1080  
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140  
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GGCGACACGT AACACTTTAG ATATTTTCAGC AGTACCAATT TTAAAACAAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAARsAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAAAATAATA	1680
	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
15	GAATCGACAA TTTTAACTT ACAGCCATTC TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAACGAT TGTATAATA CTTCGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAAAATATA TAGATTCACA CATTTGTTGC TGAAATGTGA ACATTTTTCA	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTTTT TATTTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA ATTTTTCCAA ACAAAAATAT GTTACTGTAA ATTAAATAT GGTAACTAT	2160
	GAAAATGAAA TGAAAACATG TTATTATAAT GAATAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTCGCGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTTAAAGCA GAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
35	ACAGTAGGTG TGATCATTCC AGATATATCT AATATCTATT ATTCACAACT TGCTCGTGGA	2460
	CTTGAAAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTTGA TGGTATTATT	2580
	TTCCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTTGCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTAGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGGCCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000

55

	CCACAAC TTT CTAGTGTTAT TCAACCATTA TATGATATCG GTGCAGTAGG GATGCGCTTA	3120
	TTAACAAAAT ATATGAACGA TGAAAAGATA GAAGAACCAA ATGTAGTTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATTTCATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
10	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTTATTTT	3360
	TTTCACTAAT TTCTTTTGTG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTATTT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
15	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
	CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTCATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
20	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
	GTTTAAAAC TTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA AACTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
30	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
	TATCATTGTA TATACAAAAA CCACTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
35	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATTG TCTTCATCAT	4200
	TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTGGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTACTATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTTGGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAAA CCGATTCATA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCCTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
50	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAACCG CTGCATTAAT TTTTATAGT	4680
	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTFTAAT CCATGCGCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
55	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800

TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTTTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA 4920  
 GTTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTGTGAATT TCTAACAAAG 4980  
 5 CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT 5040  
 TCAAATCTtC GTGTGTTAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT 5100  
 CTTCCGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT 5160  
 10 TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTtAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAAGT 5220  
 AAAAATTTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT 5280  
 15 AACAAAGGGG GAGTTTCAAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA 5340  
 CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAAGCATT 5400  
 TTCTTGGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA 5460  
 20 TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA 5520  
 TACTTATAAA GATATGCAAC GGTTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC 5580  
 AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCTG CGTACACCTG AACTATATTT 5640  
 25 TGC GTTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTTAT 5700  
 GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTACTAATAA 5760  
 GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT 5820  
 30 AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCAATTAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA 5880  
 TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG 5940  
 35 TTCTACTGGG cAACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCAACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT 6000  
 TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC 6060  
 AGGTtGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA 6120  
 40 TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA 6180  
 AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA 6240  
 TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCATCGTT ACGTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT 6300  
 45 AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG 6360  
 GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTTAACTAT CCAACGATGG ACGTcAAGCT 6420  
 TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA 6480  
 50 TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT 6540  
 GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT 6600

55

	TGATGTAATT ATGACAGCTG GTGAACGAGT TGGACCATT T GAGGTTGAGT CTAAATTGGT	6720
5	TGAACACGAA GCAGTTGCCG AAGCAGGAAT TATTGGTAAA CCTGATCCGG TTCGCGGTGA	6780
	AATAATTAAG GCGTTTGTG CACTGAGAAA AGGATATGAA CCAACAGACG AATTAAAAGA	6840
	AGAAATTCGT ATATTTGTGA AAGAAGGTTT GTCGGCACAT GCAGCACCAC GTGAAATCGA	6900
10	ATTTAAAGAT AAATTACCTA AAACACGGTC AGGTAAAATT ATGAGACGTG TATTAAAAGC	6960
	TTGGGAATTA AATTTAGATG CTGGGGATTT AAGTACAATG GAATAATGAC ATGAATGTGA	7020
	TTGAAGATTT TTTTCGAAGA ATAAAGGGTG ACAACATATT TCATGTCAAT GTTTAAATAA	7080
15	TCGTTTACTT TACGATAAGC AATATAAAGA ACTGTAACT TGTGTCATAT CATTCGTAG	7140
	AAAGCATTTG AAAATGATGA CATAACAATA ATGGCATATC TTTATATTGC TTTTATTTT	7200
	TAATATGATC TTTGGAAGAT GATTATTTTA AATAATAGAA AAATATAGTT ATCAATAGTA	7260
20	TCAAGCGCTA AAAGTTGTAT AATACAAAAC TTTAATAAGT GAATTTATTG CAAAAATGAA	7320
	AGCGCTAACC CGATTAGTC GACAAGTTTT TAACAGTTCG TTATTATATG AATGTAAGTA	7380
	AAAATTTCTT AGCTACAACT TACATATTAT AAATGCATAA ATTAAACAAA AAGGGGCGAA	7440
25	AAAAGTTGAC TCATTTATCA GATTTAGATA TTGCGAATCA ATCAACACTA CAACCAATTA	7500
	AGGATATTGC TGCATCAGTA GGTATTTTCAG AGGATGCATT AGAACCTTAT GGTCAATACA	7560
30	AAGCTAAAT CGACATTAAT AAAATTACGC CAAGAGAAAA CAAAGGGAAA GTTGTTTTAG	7620
	TAAGTGGAT GAGCCCAACA CCAGCTGGTG AAGGTAAATC AACGGTTACA GTTGGTTTAG	7680
	CTGATGCATT CCATGAGTTA AATAAAAACG TTATGGTTGC ATTAAGAGAG CCTGCTTTAG	7740
35	GACCAACATT TGGTATCAAA GGTGGTGCGA CTGGTGGTGG TTATGCGCAA GTCTTACCTA	7800
	TGGAAGATAT CAACCTACAT TTCAACGGAG ATTTCCATGC GATTACAACT GCAAATAATG	7860
	CATTGTCTGC GTTTATCGAT AATCATATTC ACCAAGGTAA CGAATTAGGA ATCGATCAAA	7920
40	GACGTATTGA GTGGAAACGT GTATTAGATA TGAATGATCG TGCACTTAGA CATGTAAACG	7980
	TTGGGTTAGG TGGACCTACA AATGGTGTAC CACGTGAAGA TGGCTTTAAT ATTACAGTAG	8040
45	CGTCTGAAAT TATGGCGATT TTATGTTTAA GTAGAAGTAT TAAAGACTTA AAAGATAAAA	8100
	TTAGTCGTAT TACTATTGGT TACACTAGAG ATCGCAAGCC AGTTACAGTT GCAGATTTAA	8160
	AAGTGGAAGG TGCACTTGCA ATGATTTTAA AAGATGCAAT AAAACCAAAC TTAGTACAAT	8220
50	CAATTGAAGG GACACCTGCA TTAGTTCATG GTGGACCATT TGCGAATATC GCACACGGTT	8280
	GTAACCTAAT TTTAGCAACT GAAACAGCAC GTGATTTAGC TGATATCGTT GTAACGGAAG	8340
55	CTGGATTTGG TTCAGACTTA GCGCTGAAA AATTCATGGA CATTAAAGCG CGTGAAGCAG	8400

	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAATAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GGC GTTGACT	8700
	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
10	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GGCGGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAAC AATTAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCATT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGA CTATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAATA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTACGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAATAGGT TGCAATATTT	9360
	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
30	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACCAACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTATTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAACCTC AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTTCCTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
50	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

	AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG	10320
	CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG	10380
5	AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG	10440
	ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA	10500
10	TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG	10560
	TTGAACCAGC AACTGTCATT TTTACAAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA	10620
	CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT	10680
15	TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCTG TTTCCAGTA TCTAATGGTA	10740
	CGAGAGAAGT TAAAATTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG	10800
	ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTACTAATAA CCCAGACGAC TATGTGGATG	10860
20	AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCCGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA	10920
	GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCGGAAT	10980
	ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA	11040
25	CGGAATTTGA AAATGTLACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT	11100
	TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC	11160
	CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA	11220
30	GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA	11280
	AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCGA	11340
35	TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA	11400
	ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA	11460
	ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA	11520
40	CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG	11580
	TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT	11640
	CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA	11700
45	TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT	11760
	CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC	11820
	ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA	11880
50	ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA	11940
	TTCATAAAAC TGTAGATAAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG	12000

55

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120  
 AAGAATCTAA ATAATTa<sub>n</sub>CT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1316 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60  
 CACGCACTTG ACTTAACTCT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120  
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180  
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240  
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300  
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAGTTA 360  
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420  
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480  
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540  
 TTTCAATTTGT TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTTCAATTT 600  
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660  
 GTGCCGATTC TCTATTCAAT CCTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720  
 GTAATCATG TGTGTAACA GCCTTCATT GCTCCTCTTG CTTAATGTT GAAATGATAA 780  
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTGGTAGT GCAATTAATG 840  
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTCGT GGGAAAATGT TAAAATGCTC AACATTTGAA 900  
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCCTC 960  
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020  
 AAACCTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080  
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140  
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200  
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAACTGAAA ATAATACATA 1260

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7972 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

	TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
15	TCTTACTCAT TCAGATTTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
	GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTnG GGGCTGnTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
	CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
20	CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAGATA	300
	TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GTATATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAAGTA	360
	TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
25	TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
	CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAaTCA TTA AACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
30	ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTCCG CACCACGTtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
	TGAAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
	CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTAAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
35	TTGTACTAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
	GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTTGAAGGA CGTTCATATG	840
	GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
40	CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTTCTGTA GCTAATGCGC	960
	TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
	CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
45	GACGTTTACA CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTATAGAG	1140
	GTGCATTAGA GGTGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
50	CGATTGCTGA TTTAATCGAT AGTTCTGAAT TAAATGAAGA CTA CTGTATC CCAGGACCGT	1260
	TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
55	GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAACAATG AACTTACAG	1380

	ATTAAAATGA	TGAAAATGAA	AGTTTATGAT	AAACATTCAA	CAGTCAAACG	AATATAAATC	1500
	AAATAAATTT	AAACCCGTTT	TTAACTGGTC	AAGTTCAGTT	TAAGGCTCTA	AATGGTTAGA	1560
5	ACAGAGGTTA	TTTGGAGGTT	TTCTATGTT	TAAAGATTTT	TTTAATCGAA	CAAAGAAAAA	1620
	GAAATATCTT	ACAGTACAAG	ACTCTAAAAA	TAATGATGTG	CCTGCAGGTA	TTATGACTAA	1680
10	GTGTCCAAAG	TGTAAGAAAA	TTATGTACAC	AAAAGAATTA	GCTGAAAATT	TAAATGTGTG	1740
	CTTTAATTGT	GATCATCATA	TTGCTTTAAC	TGCGTATAAA	CGTATAGAAG	CAATTTCTGA	1800
	TGAAGGATCA	TTTACAGAAT	TCGATAAGGG	AATGACCTCT	GCGAATCCAT	TAGATTTTCC	1860
15	aAGTTATTTA	GAAAAAATTG	AAAAGGACCA	ACAAAAGACA	GGTCTTAAAG	AAGCAGTTGT	1920
	GACTGGTACA	GCACAAC TAG	ATGGTATGAA	ATTTGGCGTT	GCTGT CATGG	ATTCACGTTT	1980
	TAGAATGGGA	AGTATGGGAT	CGGTTATCGG	TGAAAAGATA	TGTCGCATCA	TTGATTACTG	2040
20	CACTGAGAAC	CGTTTACCAT	TTATTCTTTT	CTCTGCAAGT	GGTGGTGCAC	GTATGCAAGA	2100
	AGGTATTATT	TCCTTGATGC	AAATGGGTAA	AACCAGTGTA	TCCTTAA AAC	GTCATTCTGA	2160
	CGCTGGACTA	TTATATATAT	CATATTTAAC	ACATCCA ACT	ACTGGTGGTG	TATCTGCAAG	2220
25	TTTTCATCA	GTTGGTGATA	TAAATTTAAG	TGAGCCAAAA	GCGTTGATAG	GTTTTGCAGG	2280
	TCGTGAGTT	ATTGAACAGA	CAATAAACGA	AAAATTGCCA	GATGATTTCC	AAACTGCAGA	2340
	ATTTTTATTA	GAGCATGGAC	AATTGGATAA	AGTTGTACAT	CGTAATGATA	TGCGTCAAAC	2400
30	ATTGTCTGAA	ATTCTAAAAA	TCCATCAAGA	GGTGACTAAA	TAATGTTAGA	TTTTGAAAAA	2460
	CCACTTTTTG	AAATTGAAA	TAAAATTGAA	TCTTTAAAG	AATCTCAAGA	TAAAAATGAT	2520
35	GTGGATTTAC	AAGAAGAAAT	TGACATGCTT	GAAGCGTcAT	TGGAACGAGA	AACTAAAAAA	2580
	ATATATACAA	ATCTAAACC	ATGGGATCGT	GTGCAAATTG	CGCGTTTGCA	AGAAAGACCT	2640
	ACGA <sup>~</sup> CCCTAG	ATTaTATTCC	ATATATCTTT	GATTTCGTTT	TGGA ACTACA	TGGTGATCGT	2700
40	AATTTTAGAG	ATGATCCAGC	AATGATTGGT	GGTATTGGCT	TTTAAATGG	TCGTGCTGTT	2760
	ACAGTTaATTG	GACAACAACG	TGGAAAAGAT	ACAAAAGATA	ATATTTATCG	AAATTTTGGT	2820
	ATGGCGCATC	CAGAAGGTTA	TCGAAAAGCA	TTACGTTTAA	TGAAACAAGC	TGAAAAATTC	2880
45	AATCGTCCTA	TCTTTACATT	TATAGATACA	AAAGGTGCAT	ATCCTGGTAA	AGCTGCTGAA	2940
	GAACGTGGAC	AAAGTGAATC	TATCGCAACA	AATTTGATTG	AGATGGCTTC	ATTAAAAGTA	3000
50	CCAGTTATTG	CGATTGTCAT	TGGTGAAGGT	GGCAGTGGAG	GTGCTCTAGG	TATTGGTATT	3060
	GCCAATAAAG	TATTGATGTT	AGAGAATAGT	ACTTACTCTG	TTATATCTCC	TGAAGGTGCA	3120
	GCGGCATTAT	TATGGAAAGA	CAGTAATTTG	GCTAAAATTG	CAGCTGAAAC	AATGAAAATT	3180

55

	GGTGCACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTTCACAG	3300
	TTAGATTCAC TTGAGTCATT ATCAGGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
10	TAAC TAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTTAATTAA GTTAAAATAA	3540
	AATTCAATAT TTAAACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
15	GAAAATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
	AGTTGTTCGT ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	CGGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTGAGCAAG ATGTCCAGAG TTAAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAAAC TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAAGAAA TTCAAATAT	4020
25	CGGTATTCTT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTTGA	4080
	CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
30	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGAAG AAACACTCAA TCGTTCTTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGAGTTTGA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC aAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAAATGAG AAAAATAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTGCACG	4740
	ATTAACTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
50	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGAACCTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
55	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG aAACTTAAT	4980

	TAAAGATATT	GACCATGCTA	AAAAAGAAGT	TAAATGTGAT	ATTTTAAACT	CTGGTGAGCT	5100
	TAAAAACAAA	AAAGGTGTTA	ACTTACCTGG	CGTAAGAGTA	AGTTTACCTG	GTATTACAGA	5160
5	AAAAGATGCT	GAAGATATCC	GTTTCGGTAT	TAAAGAAAAT	GTTGACTTCA	TTGCAGCAAG	5220
	TTTCGTACGT	CGTCCTAGTG	ATGTTTTAGA	AATTCGTGAA	ATTTTAGAAG	AACAAAAAGC	5280
	TAACATTTCA	GTATTCCCTA	AAATTGAAAA	CCAAGAAGGT	ATTGATAATA	TTGCGGAAAT	5340
10	TCTTGAAGTG	TCTGATGGTT	TAATGGTTGC	ACGTGGTGAC	ATGGGTGTTG	AAATTCACC	5400
	TGAAAAAGTA	CCAATGGTTC	AAAAAGATTT	AATCAGACAA	TGTAACAAAT	TAGGTAAACC	5460
15	AGTTATTACA	GCTACACAAA	TGTTAGATTC	TATGCAACGT	AACCCACGTG	CTACACGTGC	5520
	AGAAGCTAGT	GACGTTGCCA	ACGCAATCTA	TGATGGTACA	GATGCAGTAA	TGTTATCTGG	5580
	TGAAACTGCT	GCTGGTTTAT	ATCCTGAAGA	AGCTGTTAAA	ACAATGAGAA	ATATTGCTGT	5640
20	ATCAGCTGAA	GCAGCCCAAG	ATTACAAAAA	GTTATTGTCA	GATCGTACTA	AATTAGTTGA	5700
	AACTTCATTA	GTGAATGCTA	TCGGTATTTT	GGTTGCACAT	ACAGCTTTAA	ACTTAAATGT	5760
	TAAAGCAATT	GTAGCTGCTA	CTGAAAGTGG	TTCAACGGCA	CGTACTATCT	CCAAATATCG	5820
25	TCCACATTCA	GACATTATTG	CGGTGACTCC	AAGTGAAGAA	ACTGCACGTC	AATGTTCAAT	5880
	TGTTTGGGGA	GTTCAACCTG	TAGTTAAAAA	AGGACGTAAG	AGTACAGATG	CATTGTTAAA	5940
	CAATGCAGTT	GCAACAGCTG	TTGAAACTGG	TAGAGTATCT	AATGGTGATT	TAATCATTAT	6000
30	TACTGCTGGT	GTACCAACTG	GTGAAACTGG	AACTACTAAT	ATGATGAAAA	TCCACCTAGT	6060
	TGGTGACGAA	ATTGCTAATG	GTCAAGGTAT	TGGACGTGGA	TCAGTTGTTG	GTACTACGTT	6120
35	AGTTGCTGAA	ACTGTTAAAG	ATTTAGAAGG	TAAAGATTTA	TCTGACAAAG	TTATCGTTAC	6180
	TAACTCAATC	GATGAAACGT	TTGTACCTTA	TGTAGAAAAA	GCTTTAGGCT	TAATTACAGA	6240
	AGAAAATGGT	ATTACATCAC	CAAGTGCAAT	TGTTGGTTTA	GAAAAAGGTA	TTCCAACAGT	6300
40	TGTAGGTGTA	GAAAAAGCTG	TTAAAAACAT	AAGCAATAAC	ATGTTAGTTA	CGATTGATGC	6360
	TGCTCAAGGT	AAAATCTTTG	AAGGATATGC	AAACGTAATA	TAATTTATAA	AAAAACGTCT	6420
	TTCCATTTAT	CAACAATGGA	AAGGCGTTTT	TTGGTTcATC	TGGTATTTTA	TGACGTAATT	6480
45	AATAGGTTAT	TTGATAATGA	TAGTGTATGA	ATGGCAATCT	ATATAAATGT	TTATATCTTT	6540
	TATACATGTA	CATTATCACC	TTCAAACCTT	CACTCATATT	ACTTTGGAAG	TTTATTATAA	6600
	AATAGAAGTA	TGGATGTATT	TCTGAAATGA	TACATTATTA	AATAGATGAG	AAAGTAAAAG	6660
50	TTTTGAGCCA	AGTACGCAAT	TTAATATTAT	AAGTTGCATA	TAAAACAGGA	TGGGACATAA	6720
	ATCCCTAAAA	AAACAGCAGT	AAGATAATTT	TCAATTAGAA	AATATCTTAC	TGCTGTTCTC	6780
55							

	tCTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA	6900
5	TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACTTTGCC CAACTTGCCAC ATAAATGTAA	6960
	AATTCAATAA AATGAATTTT CTGTGTTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA	7020
	AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTACACTACC	7080
10	AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT	7140
	TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA	7200
	TCATCCAAAA ATGATGTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG	7260
15	TCGTAGAATA GARAAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAGATCA	7320
	AACACCTTCT TATAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT	7380
	TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA	7440
20	TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTTGTGTG	7500
	GAAGAAAAGT ATTCAAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAAA CATTATATCG	7560
	TGACTTAGTT GAAGAAAAAA TAATACCAGA GATAAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC	7620
25	AATAGAAGAA ATAGATTTAA TTGGTAGTCA TTTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA	7680
	TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA	7740
30	GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTTGATGA TTATTCCGAA AGAAAAATA AATATGAAGA	7800
	ACAAAAATCG ATTCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA	7860
	ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT	7920
35	TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTT AA	7972

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                             |
|----|-----------------------------|
| 40 | (A) LENGTH: 3175 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid      |
|    | (C) STRANDEDNESS: double    |
|    | (D) TOPOLOGY: linear        |

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

45	ATTTTTTAGT TAATTGTCTT TCTTAAAATA ATTTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT	60
50	ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA	120
	CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA	180
55	CAAGGATATG CGATTTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT	240

	AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATGTGA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC	360
	CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA	420
5	TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTTA CAAAACCTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT	480
	GTCCATTTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG	540
	TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT	600
10	CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAa	660
	CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTTG	720
	CATAAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTC ATTACTTCTA	780
15	CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA	840
	TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGAcTAGCCG	900
20	CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC	960
	CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG	1020
	CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTTACTAAt CTCGGTTTAT	1080
25	GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTA AAA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTCAT	1140
	AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA	1200
	ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG	1260
30	aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA	1320
	GGkTTAAATT CGTCTTAAAC GGtGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG	1380
35	kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT	1440
	TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTCa ATGTGTTCTG ACTTTATGTA	1500
	TTGGAAAAGA TGTCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA tACGTGTCTT TAAGTTTCCT	1560
40	AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTTGACAT CAAATGCAGT TGTATAAATC	1620
	TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA	1680
	TCGATATGAT TAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC	1740
45	AATGTATTTA TTTGTTGCT TAGTGTGTTA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT	1800
	AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG	1860
	GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACTTTATT TAAAGCCTAG	1920
50	AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGTATCA	1980
	ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAA TACCATACCT	2040

55

GTTGATTCAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTGTAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160  
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220  
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTTA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280  
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAATT TACTACCACG TACACCAGCT 2340  
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400  
 10 CCTTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460  
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGGTAACAT TTTAGGTGCT 2520  
 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA 2580  
 15 GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640  
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700  
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760  
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTTCACTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820  
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTTCTACC TTTTGTAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTACT 2880  
 25 TCTGCTTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940  
 TCTTCATAGT TTAGTGATACC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000  
 TCATTTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTG ATATCGCTTT TTGCAATTTA 3060  
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120  
 GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 702 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45 CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60  
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120  
 50 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180  
 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT 240  
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420  
 AGACCAATTG GTATTTATAT TTTAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480  
 5 GGTATTACAA CGTATTTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540  
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600  
 CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGtTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660  
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGA<sup>n</sup>AAAAACC ATCGGCATCA TC 702

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60  
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGA<sup>r</sup>G TCCTGCTTGG 120  
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGTATAGT 180  
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240  
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300  
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360  
 ATTTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTTGGA TTAATAAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420  
 35 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480  
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540  
 40 AGACTAAACC TAAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTTCTT 600  
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660  
 TTATTAAAAC AAGAGGCAAT TCAATAA<sup>r</sup>CT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720  
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAAT TCGGCTGTAA 780  
 TGAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840  
 TTGTATCATG AC<sup>r</sup>CATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900  
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960  
 CGATAAATCA TAGTACCAAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

	TTGTTTGGCA TATGAATGTC TTTGTAATTA TGGTTGTCTA AGTAATGACG ACCATGTTCT	1140
5	TTCATATCAA CAAATGTGTC GTAGTCATTC CAATCTGGTG TAATGGCAAA GTTGTATTTA	1200
	GGTGGAATTG CTGATGCAGT AGTCCACTCT AGAGTACGAC CAAGGCCATC CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT CACGTGGAGA TTTGAAGTGA CTGTATACGA TACTAACAAC AAGGAATAAG	1320
10	AATCCGATTG CCATTAATAA TGCACCGATA GTTGAAATTA AGTTTAATAA GAACCAACCA	1380
	TCTGATGGCA TATAAGTGTA TAAACGACGT GGCATACCAT CTAATCCAAG AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC AAACGTTAAA TCCGATCATG AAGAACCAGA AGCACCATTT GTTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAAAT TGTAACCCAT CATCTTTGGA TACCAGAAGA TTAAACCAGC TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC CAGTAACCAA TGTATAGTGG AAGTGAGCTA CTAAGAAGTA CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT CAGCTGATGC CATTGCTAAC ATTACACCCG TAACACCACC TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA ATGCTAATGA GAATAGCATT GGTGACTCAA ATGTAATACG TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA ACCAGTTAAA CAATTTTACA CCAGTTGGAA TACCAATCAG CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA ATGAGTTGAT TAACGCACCA TTACCCATTG TGAAGAAATG GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC TAAGGAACGC GATACCGGCA GTTGCCCATATA CCATACTTTG ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC GAGCGAATGT CGGGATAATT TCTGAGTAAA TACCAAATGC TGGAAGGATA	1980
30	ACGATATAAA CTTCAGGGTG CCCCCATACC CAGAAGAAGT TAGCCCAAAG CATTGGCATA	2040
	CCGCCATGTG CAACTGTGAA GAATGCTGTG TCAAATATTC TATCAGTTGT CATTAAATGCT	2100
	AACGCTACTG TTAAAGGAGG GAAAGCAAGA ATAACAATTA ATGTAGTAAT AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA TTGGCATTG CATAAACTTC ATAGTTGGTG TTTTACATCT TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT TGATACCTGT AGCTAAGGTA CCAAGCCCTG AAATTTGTAT AGCTATTAAG	2280
	TAATAGTTAA CACCCGGACC AGGACTGAAT TCACCTGCTA GTGGCGCATA GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG GTGAACCACC AATAATAAAT GACAGGTTGA ATAAAATCAT ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA AACTTACGTT GTTTAATACT GGAATGCAA CATCACGTGC TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA CGATATTCCA TAAACCAAAG ATAAATGGCA TTGCCATGAA GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT GTGTACTAAA AATTTCTGTTA TAGTGGTTAG ATTCTAAAAA TTTGTTATCA	2580
	GGTACTGTTA ATTGCGCAG AATAAGTAAC GCATCAATAC CACCACGGAC GAACATTAAT	2640
50	ACGGCACAGA TTAAATACAT AATACCGATT TTCTTATGGT CTACAGATGT GAACCATTCT	2700
	TTGTAAAGAT ATTTCCATAA TTAAAGTAA GTAATTACTG CGATTAAACC AATAACTAAG	2760
	AATGGGGCAC CAATTTGTGC CATTGTAATC ATCAGTTAC CTTTAACTAG TAATTGATCC	2820

TTGAAATTTT CTTCAATTTCT TTCGCATTTT TCGATTTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT 2940  
 ATGGTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG 3000  
 5 TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTTGTCTGA TACATCTTTA AACATATTTT 3060  
 CTTCACTAGT GAAGTTTGGA TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA 3120  
 TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTA AATTCTAAAG 3180  
 10 CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTTCT 3240  
 TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTGTGCGT AGTCTTTTTG ACTAACGGCA TTTACTTTAA 3300  
 ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG 3360  
 15 TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTTGACCAC 3420  
 CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTTGTCATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG 3480  
 GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA 3540  
 20 AGAACCATTT GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG 3600  
 GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTTAA CTGTAGGAAT AGctAAAGCA GCAACGATTA 3660  
 25 TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT 3720  
 CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAG TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA 3780  
 AACAAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTACTTGCTA 3840  
 30 CTGGCCCTTT TGCGTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC 3900  
 CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACACTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT 3960  
 GTAGGGCTTA ACATTAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA 4020  
 35 AATTAATAAA ATTGTATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT 4080  
 TGTAAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T 4121

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 9310 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50 CGAGTGAGTA CamACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT 60  
 ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC 120

55

	TTGGATTACG ATTAGTTGAA AAGTCGGTTA ATCAAGACAA TCCTTCAATG TATCATTTGT	240
	TTTATGGGGA CGAAGTAGGT ACAGCCGGAA CAATTTTAAG CTTTTTTGAA ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA GCAGCCAGGT ACTGAAACGA TTTATCGATT TTCATTATTA GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT TCATTATTTT GAAAAACGTC TTGAGAATAA TGGTATTAAG TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT TGGACAAGAA GGTGTTGTCT TTAAAGATGA AGACGACTTA GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA TGATAGTTTT GAAGTACCAC ATCAATGGCA ACATAACGCT TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC ATATCAAATT TTAGGAATAG GGCCAGTCGA ATTAAGAGTT AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT AGAATTTTTG GAAAATGTCT TAGGTTATCG CAAAAGAGAT AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT GACATTAGCA CCACAAGGTT TATATTCGGA TTTGTAGTT ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG TGAAAGACCT GGACGAGGTT ATATCCATCA TATTGCAGTT AATACACCAC	780
20	AAATGAGTGA CTTAGATGCA ATTTACAAGA AATTACAACA ACAACCACAA AGTAATTCAG	840
	GTATAATTGA TCGCTATTC TTTAAATCAT TATACTATCG CCATAATTCA ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC TGAAGCGCCT GGATTTACTA TTGATACACC TGTGAACAA TTAGGAAGTC	960
25	AATTGAACTT GCCTGACTTT TTAGAAGCAG AACGTGAACA AATTGAAAGT AAGTTACACG	1020
	AAATATAAAG GAGAATGTTT AATGGCCAAA TTAGAAATGA ATAAAAATAC GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT ATTCCTTAGG TGATCATTTA TTGAATCCAT TGAAAGGTGA AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC GTATTAATGA AATTATTGAA GCAAGTAAAT TAGCAGATGA AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG CAGTTGGTGA AAGTCATCAG GAGCATTTTA CAACACAGGC ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG CAATTGCCCA AGCGACAAAG CATATTAAAG TTTCAAGTTC TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAC AGATCCTGTA AGAGTATTTG AAGACTTCGC GACATTAGAT TTGATTCTC	1380
	ATGGTAGAGC CGAAATTGTA GCTGGCAGAG CATCAAGAAC AGGTATTTTT GACTTGTTTG	1440
40	GCTATGATTT AAAAGACTAT GATGAATTGT TTGAAGAAAA ATTAGGTTTA CTTTTAGAGT	1500
	TAAATAAAAC TGAGCGTATT ACTTGGTCTG GAAATATCG TCCAGAACTT AGAAATATGA	1560
	AAATATTCCC AAGACCAATC GATAATATAT TGCCAATATG GCGTGCTGTT GGTGGTCCAC	1620
45	CTGCAAGTGC TATTAAAGCG GGAAAACAAG GTGTGCCAAT GATGATTACA ACCCTTGGTG	1680
	GCCCAGCAAT GAACTTTAAA GGTTCTATAG ATGCTTATCG TCAAGCGGCA ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc TTCGCCTAAG TCTTTACCAG TAAGTACAGC GAGTCTGTTT TATACAGCTG	1800
50	AAACAACCTCA GGATGCTATG AGAGAATTTT ATCCACATTT GAATACAGGG ATGTCATTTA	1860
	TTCGTGGTGT TGGTTATCCG AAACAGCAAT TTGCTAATTC GTCAGATTAT CGAGAAGCGC	1920

55

	GTCATCAACG	TTTTATGGCA	CAGCTTGATT	TTGGCGGTGT	GCCATTTGAA	AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA	GTTAATTGGC	AACGACATTA	TACCGGCGAT	TAAAAAGCAT	TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG	TCATCATGAA	TATTGTATTA	TTGTCAGGTT	CCACAGTAGG	TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA	TGGATGATTT	AAAAAATGAA	CTAGAAGTCA	TCAATGAGGG	ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG	ATTTACGAGA	ACTTGAATTA	GAATTTAGCG	TTGGAAGAA	TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG	ATGTATATAA	ATTAACGACG	TCGTTAATGC	AGGCTGATGT	GATTTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA	TTTTTCAAGC	TTCCATCCCT	GGTGCTTTGA	AAAATGTGTT	TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG	CGTTTCGTGA	CAAGGTAATA	GGACTTGTAG	CGACAGCAGG	TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA	TTCCTGAAAT	GCATTTAAAA	CCAATATTGA	GTTACATGAA	AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT	ATGTATTTAT	TGAAGAGAAA	GATTTTTCAA	ATCAACAAAT	TGTCAATGAT	2580
20	GATGTTGTAT	TTCGGTTAAA	AGCGTTGGCA	CAATCCACAA	TGCGAACTGC	CAAAGTACAA	2640
	CAACAAGTGT	TTGAAGAAGA	AAACAACCAA	TACGACTTTT	AAAGTATAAA	AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT	AAATTTGTAA	GTGTTTGAGC	GTCTTTTCAT	ATTAACTATA	TAGCCAATGA	2760
25	ACGACGATAA	AGGCAAGTGA	TGACAAGCAT	ATTGAGGTAA	TAATGATTGT	CATAAGCGGT	2820
	TTAAGTGCGC	GATTTTTAAG	ATCTTTAAAT	GCAACATTTA	ACCCTAAAGC	AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC	AAATTGTTGA	TACAGTATTT	AAAATATTTA	GCAATGCTGA	CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT	TACTAAGGC	CATAATGACA	AATCCAATTA	AAAAGTATGG	AATGCTTATT	3000
	CGACCCTTGC	TAGATGATTC	TGATGAACGG	AAACGCATAA	TTAAAATAAG	TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA	GTAAGAATAC	TCTACCAAGT	TTACCAAGAA	GTGCAATTTT	AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA	AGCCACCAGC	TAAGACAACG	TGTGCAATTT	CATGAAGACT	AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT	AAACATTTGT	CGTCATTGAA	AAGATAGCGT	AGATAGCTGT	ATATATAAGT	3240
	GAAAATATCG	TACCAATCAA	TGCGATGATA	CCGATACTAA	TAGCTGTATC	CTTTTCACGT	3300
40	GATTTGAATA	TTGGAGCGAC	TGCGGCAATA	GCAGCAGCAC	CACAAACGCC	TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA	ATGCGATGTT	TTGTCCACCA	TGCAACAGTT	TGTTGACAAA	GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA	AAATAACGAC	ACCTACATCG	ATGGCTAATA	GTTTACTACC	TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA	TATTGAGTTT	AAGTCCATAT	AGGATGATTG	CAAATCTTAA	TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG	TAATACCTGA	GCTATATTGT	TCAGGATATC	CTCTAAAGTG	ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA	ATATCGCGAT	AGTTAATGCG	CCAACCTTAT	CTAGGATTGG	CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAAGC	TAAATAATGC	GACTATAAAT	GTTAGTGATA	GCCCAATCAT	AAAATGCTTA	3720

55

	ATTTTAAAT ATAAATTTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA	3840
	GGAAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC	3900
5	AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcAAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT	3960
	AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG	4020
	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA	4080
10	CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA	4140
	TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAAATTTA	4200
	GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACTTAGG	4260
15	GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA	4320
	AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCAAGT GTGGCATTG GTATGAAGGA	4380
20	ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA	4440
	GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA	4500
	TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCAGTT	4560
25	AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTACTAGAGA AGGTATGTTA	4620
	CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA	4680
	TCAGAAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAATGG	4740
30	CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTTGAAAATA AAAGGTTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA	4800
	ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA	4860
	CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT	4920
35	AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA	4980
	ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG	5040
40	AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA	5100
	ACAAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTAAAA AGGTACAGAA	5160
	AAATTTGTTA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAAGCGTT ATATCCAAAA	5220
45	GTTTCGTATGT ATTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAAGAG CATTTGGAGA TTTAGATCCT	5280
	AAAATTGATG CACGTCTTGC AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA	5340
	TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA	5400
50	GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT	5460
	ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT	5520

55

GTTGAAGGCG CACAAAAAAT TTATGACTTA TTTAAACCTA TTTTAGAGAA AAAAGATAAA 5640  
 AAATTAAGTG ATGATATCCA AATGAACTTC GATAAAGTGA ATCAATTATT GGATAAATAT 5700  
 5 AAAGATAACA ACGGCGGTGA TGAGTCATTT GAAAAAGTAT CGAAGAAAGA CCGTAAAGCA 5760  
 TTTGCGGATG CTGTTAATGC ATTAGGAGAG CCACTAAGTA AAATGGCTGT GATTACTGAA 5820  
 TGACAAATTA TGAACAAGTT AACGATAGTA CGCAATTTTC AAGACGTACA TTTTGA AAAA 5880  
 10 TGTTAGGTAT TGGCGGTGCC GGTGTTGCAA TTGGCGCAAG TGGTGTGGT AGCATGTGGT 5940  
 CTTTCAAATC AATGTTCAAT ACACCAGAAG ATCCGAAAAA AGATGCGTAT GAATTTTATG 6000  
 GTAAAGTGCA ACCAGGCATT ACCACACCCA CGCAAAAAAC ATGCAATTTTC GTTGC GTTAG 6060  
 15 ATTTGAAGTC AAAAGATAGA GATGCAATTA AGGCAATGTT TAAAAAGTGG ACGGTTATGG 6120  
 CTGATCGTAT GATGGATGGT GATACAGTTG GCAAGCCGAG TAACAATCCT TTAATGCCAC 6180  
 CAGTAGATAC CCGTGAATCG ATAGGATTAG GTGCAAGCAA GTTAACGATT ACCTTTGGGA 6240  
 20 TTAGTAAGTC TTTGATGAAG AAAATTGGGT TATCTAGTAA AATTCCCGAT GCCTTTAAAG 6300  
 ATTTACCGCA TTTTCCGAAT GATCAGTTAA TAGACGATTA CAGCGATGGT GATATTATGA 6360  
 TTCAAGCATG CTCAAATGAT TCGCAAGTAT CCTTTCATGC GGTTCATAAT TTAGTTCGTC 6420  
 CATTTGAGA TATTGTTAAG GTACGTTGGG CGCAATCTGG TTTTATCTCT GCTAAAGGTA 6480  
 AGGAAACACC TAGAAATTTA ATGGCATTTA AAGATGGAAC AATTAATCCT AGGAAGAATA 6540  
 30 ATCAACTTAA AGATTATGTG TTTATTGATG ACGGATGGGC GAAACATGGA ACTTATTGCG 6600  
 TTGTCAGACG TATTCAAATA CACATTGAAA CGTGGGATCG TACTGCGCTG GAAGAACAAG 6660  
 AGGCTACATT TGGTCGGAAA CGACATAGTG GTGCACCGTT AACAGGTGGG AAAGAGTTTG 6720  
 35 ATGAAATTGA CTTAAAAGCG AAAGATAGTC ATGGCGAGTA TATTATTGAT AAAGATGCCC 6780  
 ATACGAGGCT AGCGAAAGAA GCAAATACGT CAATTTTACG TAGAGCCTTT AATTATGTGG 6840  
 ATGGTACGGA TGACCGCACA GGTAACCTCG AAACAGGCTT ACTTTTTATT GCTTTTCAA 6900  
 40 AAGCGACAAA ACAATTTATC GATATACAAA ATAATTTAGG TAGTAATGAT AAATTAAATG 6960  
 AATATATTAC ACATAGAGGT TCTGCTTCAT TTTTAGTATT ACCAGGTGTT AGTAAGGGAG 7020  
 GATACCTTGG TGAAACATTA TTTGACTAAA TTTGTAGCAA TGCTAATAAC TGCTGCTATG 7080  
 45 GTGTGTAGCT TTGGGTTACT GAAAAGTCAG GCAGCAGAAC AACAAAGTAT TAGTGATGTA 7140  
 TATAGTGTGA TAACGGATGC GAAATCTGCA CTTTCTAATA ATTCGATATC GAATGACAAT 7200  
 50 AAGCAGAAAG CAATTGAGCA AGTGGTAAGT GCAGTTAAGA AATTATCGCT TGAAGATAAT 7260  
 AGTGAAAGTA ATGCTGTCAA ATCAGATGTG AGAAAGCTTG AAGATGCAAA AGCGAATGAT 7320

55

	GCTAGTAAAG ATGCGGGTTC TAAAATTAAA CTATTGCAAC AGCAAGTCGA TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA CAAAAGCGAT TAAAGATAAA AATAAAGCGG AATTAGAATC TTTGAACAAT	7500
5	AGTTTGAATC AGATTTGGAC AAGTAATGAA ACAGTGATTG GCAATTATGA CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA TTGAAGTCGC ATTATTACAA CTTAGAATTG CAATTCATAA GTCACCATTA	7620
	GATACGGCAA AAGTGTCACA TGCTTGGACA ACTTTTAAAT CAAATATTGA TCATGTCGAT	7680
10	AAAAAAGTA ATACGTCTGC AAATGATCAA TACCATGTAT CACAATTAAA TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCGA TTAAAGCTAT CGACGACAAT CAATTGTCGG ATGCTGcaTy TGCGCTTACA	7800
	CATTTTATAG AAACITGGCC GTATGTTGAA GGTCAAATTC AAATAAAGA CCGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA TTGAAGATAA AATACCATAT TATCAAAGTG TATTAGACGA ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA AAGATGGTTT AGTAGATTTA AATAACCAAA TTAAAGAGGT TGTGGCCAT	7980
20	AGTTATAGCT TCGTCGATGT GATGATTATC TTTTACGTG AAGGGCTAGA AGTGTGTTA	8040
	ATTGTAATGA CATTGACTAC CATGACGCGT AATGTAAAAG ATAAGAAAGG GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG GTGCAATTGC CGGACTTGTA CTGAGTATTA TCTTAGCAAT TACGTTTGTA	8160
25	GAAACTTTAG GGAATAGTGG CATTCTTCGT GAAAGTATGG AAGCGGGATT AGGTATCGTT	8220
	GCGGTCATAT TAATGTTTAT CGTTGGTGTT TGGATGCACA AACGTTCAAA TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA TGATTAATAA TATGTATGCT AATGCGATTA GTAATGGTAA TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA TTGGTTTAAT ATCTGTGTTG CGTGAAGGTG TCGAGGTTAT CATTTTCTAT	8400
	ATGGGGATGA TAGGTGAGCT AGCGACCAAA GATTTTATTA TTGGTATTGC TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA TCATCTTTGC ATTATTATTT AGATTATAG TTAAATTAAT ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA GAGTGTGTC GATCTTTATT TTTATTATGG GATTCAAAAT GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAAA AGTTACAATT ATTAGGTGCG ATGCCAAGAC ATGTTATTGA AGGATTCCCA	8640
	ACGATTAACT GGTTGGGCTT TTATCCAAGT TATGAACCAT TGATAGCACA AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG TTGCTATCTT AATCTTTAAA TTTAAAAAAT AAAAAACAGG CCGAGTGCCT	8760
	GTTTTTTTGG TTGCTATATT GGAAATATTC GGTATTGCAG TATAACGATA ATCACAGCAT	8820
45	TGATTCGTAT AAGGTTAATG TGTTGGCGGT TTGCCTCGGC ATGTGAACTT AACGATGAAC	8880
	ATACTGAACT CAAAGAGCAA TATGAGTGGC AATGTGAGTA ATATATTTAA TGTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA TGATACTTGC TAATACAAAG CAAGCGAAAT AAATATATTT ACGrTAATGT	9000
50	TTCAATGATG TGGTATCTAT AAGACCGAAT TTTGCAAGAC CCATAAATAA TATTGGTAAT	9060
	TGAAATAGAA GACCAAATGT GAATAACCAA CGTATGAGTT CAATCAAATA TGCTTTAAAG	9120

55

GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA 9240  
 CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCCAC 9300  
 5 AATTGATAAA 9310

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3458 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGGAGAA GAGATATTTG CTAATAAGTG 60  
 CCTTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTG AAGCTGAGTT 120  
 20 ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA 180  
 AAGTATTTTA AAAAGTTTTG GTATAAAAAC AACAGGTAAT AAACCTGACT TAATTAAACG 240  
 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT 300  
 25 TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA 360  
 TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG 420  
 CGATGATAAA GTTGCAGAAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA 480  
 GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTTCA ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAAG 540  
 AGATGTAAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT 600  
 35 GAGAGATTTT TTAaaaaaat TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATAgTA AAGGGAATAT 660  
 AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTTATC AACTCTAGCG CTTCTGGTAT 720  
 GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA 780  
 40 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA 840  
 TGTAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT 900  
 TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC 960  
 45 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAAA TAAACGTTGC 1020  
 TATTGATATT CGAAGTGGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT 1080  
 50 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA 1140  
 GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAAATTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA 1200

	AACGTACAGA GCTTGTTAAG TGTTTAGATT ATTTACGAGA GAGCGACACA TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA TCGGTTAGGT AGAACGACAA AACTATTaAT TGAATTaTCA CAATGATTCTG	1380
5	ATGATAACGG AATTGACTTA CAAATTAGTA ACATGAACAT TTCAACGAAA GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT TTTTACGATG ATGAGTGCAT TTTTCaGGAT TAGAAGTTAA TTTACTATGT	1500
10	GAGTGTATAA AATAGACTTA GCAGCAACAA GAGCGAGAGG CCGAAAAAGC GGGCGCCCCT	1560
	CTTTACCAGA GAATAAAAAA TGAGAAATTA AATTTTATA TGATGAACAA ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT AGCTAGTTAG ACAAGGGTAT GTCACTCAAC TGTTTATCGA GTTGATTAA	1680
15	AAATGAAAAA ACTTATACTA TGAATTACTG TTTAAAAGTG TGCATGTTAT AATATTTATT	1740
	GAGCAAGTTG GATAGATGGT GGCTAATCTC TTAATAAAGG GGTGATGCCT ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC TAGnaAAGGA CTAGCATGTC TGATTTTGAA ATGCTTATGG TTGTATTAAC	1860
20	AATCATTTGGT TTAGTATTGA TTAGTACTCA AGACCATAAA AAATaCCCTT CTATTCGCTT	1920
	TGACCGGCAT TTTTGAAGGC TATTTTAA TAAATATAA GGTCACCGTC TTTTAAACGG	1980
	GCTCATTAGG GTAACATGTT TCCGAGTGTT GCCCTTTTGT TGTTCaAGA GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT GCTTCTACTT GCTACAAATA TATTTTAACA CATTTTCTT ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA TAATCAGAAT TAATAAAACC AACTTTCCAT ACAGCAGAAA ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA TGTAATCACG AATTATATAA AAAGTATTGG AGACCTCTTC ATATATAGAT	2220
30	AATTCACTTA GTTATTTTAG AAAGAAGCCC CTAaCAACTA AAGTTGAAAA ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT TACGCATCAA CTGCATaAGg CCCCTAAmAA CTAAAGTTGT AAGGGGcYCT	2340
35	AAAATTTATT TTGGTTGATT GTCTTCTGGT TTATCTGAAG TCATTGTTTT TGTTGTATTA	2400
	TCATTTAATG AATCTTGTGC TTTTCTGTT TTTGTTTCAA CAGATGTTGT CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT TTGTATTTT TGGTTCAGTG ACAACTTTTT TATTCTTGTC AGCTGTTTTT	2520
40	ACTTTATCTT TAGTAATTTT TTGACCACGT TTTAAGTAAT ATTGAACGAT ACCCATTAAA	2580
	ATGATTGCAT GAATAACAAC GAATAAAATA ATTGTCATTA CTGTATAAAC TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA CACTTTGAGA GAGTGATTGC GTATTAAATG AAATCAAGTA ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA AAATAATAAT TAAGTTAAT AATAGTATTC CAATGAAAAA TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC CATTTTTCAT TGCTTTAAAT CCATTAGCTA AGTGTGTTTT TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT CaACGAAACT AGTCaTAAAG TTGAAAATAG GTATTAAcAA TAACCAAGTA	2880
50	ATAATTGCTT TAATCAATAA AACAACAATG ATTATGATGC TTTGAGTTGT AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT GTGTACTATC TGCATATGAT GATTGTACTG AATTCATAAT CATTTCTGAT	3000

55

ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120  
 AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCCG 3180  
 5 ATAAAAATTT GAACTAAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240  
 ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300  
 TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360  
 10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTATTAAAT AATTGTGGTT TAGCATTITT AAATGCTGAT 3420  
 TTAAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 695 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60  
 AACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAA 120  
 TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180  
 30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240  
 ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGAACG 300  
 ATTGATCCTC AACCATTGTG TCAAATGCTT CACGAACTTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360  
 35 CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTTGTTGA TGCGTGAAAT 420  
 ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGTACAGT 480  
 TAGTAACATC TTGATATTT TCTTTGCCGC CTAAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540  
 40 CTTTCGTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTT 600  
 TGTAATCTTG CTAGAAAAT AATTAACTT CCTCTTCTGT TTyCTTACGT CCAGGTAATG 660  
 45 GAATATCAAA TTyCAAAATT AAGAATCTGA ATAAG 695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 875 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

5 AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACCLAA TGCAAATAAT 60  
 AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGA CTGTGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC 120  
 GCATTCAAGA AATTTGATAG TCATTTGCTA TCAATTTGAG AAATATATTA TGAATTGCTA 180  
 10 AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG 240  
 AAGtGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT 300  
 GAATTGGTGA TTTATAAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG 360  
 15 TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG 420  
 TGCAAAAATT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA 480  
 GGAGCATAAT GCTGTTTCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT 540  
 20 TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA 600  
 TAATTTAACT ACTTCAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT 660  
 TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC 720  
 25 TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTTG ATGTTGAAGT 780  
 ACAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAG CtagagATTT 840  
 AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAkGTAAC TGAAA 875

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5897 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

40 TCTTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT 60  
 AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTTGAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC 120  
 45 ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA 180  
 TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT 240  
 AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTTA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT 300  
 50 GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTTAAA AGCTGGTTTT 360  
 ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT 420

55

	AGTGTCGTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAATCCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATTC AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCCTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
	CTTTTTCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
10	AACCATCCAG TTAAAAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATTC GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCAATTA	900
	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTTC TGTTCATAC	960
15	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAATATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTA	1200
	TTCAAATCCA GCGACAATCA TGAATGATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC	1260
25	GTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GCGGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
	TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGGCGGTATT TGTCATAATG ATGAAGAATT	1620
35	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAGTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC	1740
40	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATTCAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCACG TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAAATTAG CTGCTAAAAT CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCTTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAACT	2220
55		

	TTACCAAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTT ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT TATTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CCAAAACATT ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG	2520
10	GATTTAGTGA TAAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAGAA GTATATCAAT	2580
	TGCGTATGGA AAATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAgCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA	2700
15	CTGACAAAGA AAAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG	2760
	AATTTGACTA TGCGACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT	2880
20	ACTTTGAACC TTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG	2940
	GTGTCGTTGT ACAATTTGGA GGACAAACAG CGATTAATTT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGCTGAA GATAGAAAAG	3060
25	AATTTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT AGGTGGTCGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTT GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA	3360
35	TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC	3420
	CACAAACTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA CATCATGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT	3540
40	ATGTTTTAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG	3600
	ATATTCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTTG GGAAAACTA ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA	3720
45	GTTTTAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGAAATGAAG TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAAATTTTA GCAACGTCTG	3960
	GAACAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG	4020

55

	TGACTAAAGG TAAAGAAGTA GAAAGGGATG GCTTCCAAAT TAGACGTACT ACAGTTGAAA	4140
	ATGGTATTCC ATGTTTGACA TCTTTAGATA CAGCTAATGC CTTAACGAAT GTAATTGAAA	4200
5	GTATGACATT TACAATGCGT CAAATGTAAA TCAATCAAAC TGTATCGGTG GGGCTGTAAT	4260
	TAACCATTTA CTAAAGAAG TTTATATTAC AGCCTCATTA TTTAATGAA TTTCTTAATA	4320
	TAAAGGGAGA CaTATATGAT GAAAGATTTA CCAATTATTG CATTAGATTT TGAATCAAAA	4380
10	GAAAAAGTAA ATCAATTTTT AGATTATTTT GATGAATCAT TATTCGTAAA AGTAGGTATG	4440
	GAACTTTTTT ATCAAGAAGG TCCTCAATTA ATTAATGAGA TAAAAGAAAG AGGCCATGAT	4500
15	GTATTTTTAG ATTTAAAACT GCATGATATT CCTAATACAG TTGGTAAGGC GATGGAAGGA	4560
	CTAGCTAAAT TGAATGTTGA TCTGGTAAAT GTTCATGCTG CTGGTGGCGT AAAAATGATG	4620
	TCTGAGGCCA TTAAAGGATT AAGAAAACAT AATCAAGATA CAAAAATTAT TGCAGTAACA	4680
20	CAGCTTACGT CAACAACAGA AGACATGTTA CGACACGAAC AAAATATACA AACATCGATT	4740
	GAAGAGGCCG TTTTAAATTA TGCCAAGTTA GCAAATGCAG CTGGTTTAGA TGGCGTTGTT	4800
	TGTTACCTC TTGAAAGTCG TATGTTGACT GAAAAGTTAG GTACATCATT TTTAAAAGTA	4860
25	ACACCAGGTA TTAGACCTAA AGGTGCATCT CAAATGACC AACACCGTAT TACGACACCG	4920
	GAAGAAGCAA GACAGCTTGG TTCGACGCAT ATTGTAGTCG GTAGACCGAT TACACAAAGT	4980
	GACAATCCAG TCGAAAGTTA TCATAAAATT AAAGAAAGTT GGTAGTATA ATGGCTAAAG	5040
30	AAATTGCAAA ATCATTATTA GATATTGAAG CTGTAACATT ATCACCAAAT GATTTATATA	5100
	CATGGAGTTC AGGTATTAAA TCACCGATT ACTGTGATAA CCGTGTTACG TTAGGTTATC	5160
	CTTTAGTTCG AGGCGCAATC CGCGATGGTT TAATTAACCT AATTAAAGAA CACTTTCCTG	5220
35	AAGTAGAAGT TATTTCTGGT ACTGCAACAG CTGnTATTCC ACATGCAGCT TTTATTGCTG	5280
	AAAAATTAAA ATTACCAATG AATTATGTTT GTTCATCAAA TAAGAGTCAT GGTAAGCAAA	5340
40	ATCAAATCGA AGGTGCTAAA AGTGAAGGTA AAAAAGTAGT TGTGATAGAA GATTTAATTT	5400
	CGACAGGGGG ATCTTCAGTC ACAGCAGTTG AAGCCTTAAA ACTAGCAGGT GCAGAAGTAT	5460
	TAGGTGTTGT AGCTATCTTT ACTTACGGTT TGAAAAAAGC AGATGATACA TTTAGCAATA	5520
45	TTCAACTACC TTTTACACT TTAAGTGATT ACAATGAATT AATTGAAGTA GCTGAmAmTG	5580
	AAGGTAAAAT TTCTAGTGAA GATATCCAAA CATTAGTTGA ATGGAGAGAC AACTTAGCAT	5640
	AATATAGACA CTAGAAGGAG GAATTCAACA AATGAATGAC AAAACATCTA ATGATTTATA	5700
50	TGGGAAGATA AAACATTGTA ACGAATTTAT CAATCATTCA AATGATTCCA ATCTATCTAG	5760
	TAGTCACGAT GTCGACGAAA GTTCAACGAA GCAAAAACAT ATAAAAAATA AAACAACATAT	5820

55

TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 7965 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

15	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
	TGTAATTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTTAATTG TTTTTCAGA TACAAATAAA	120
	GTTTCTGCAA TCTCTTTATT TGTTTTACCT TTAACCATTT CACGTAACAC TTCAATTTCT	180
20	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
25	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAAACTTTAA TATCCGGATA ATGTGCCTTA	420
	ATATATTCCG TAATTTCAAT ACCATTTCATG CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGCACAATA	480
	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
30	AAAACTTCTA TGTTTTCAaT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
	KGGwCATCTA CTAATATnAC TTTGTTTCATG GGTTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
35	GGAATTGTGA ATTGTATTTG TGTACCCTTT GTTGGCTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
	CTTAATAATT TAACTCTTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCACGTCOA TATATAGTAT ATCGTTTCATT	840
40	TGTTTTAATG TAAGATCCAT TTTATTCGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
	TCTTGTAATG CTCTGTATAT GTTTTCTTCG ATTTTCATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAT TTAATATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
45	CCTTGCTCAA GTCCAACCTGG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTT ATTAAACGGCA	1080
	TTTTGACTCG TTtCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATTG GTTTGACATG	1140
	CCATACGCAG CATGTGctGT TAGTTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
50	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTGCCG CTCTTTTTTC ACGGTCTGTT	1260
	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCGA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

	TGACCCGATT	TAAGTGGTAC	CGTTGCATGA	TGTGTAATAT	TGTCATTTTG	GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG	CTAAGTTAAT	ACGAGAACAA	TTGACGATAT	TCGACGCTTT	CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA	ATGCTTTCAC	ACACCAACAA	GACCCATCTT	TAATATAGTG	ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG	ATTGTGGTAG	AGCCACATGT	GATACAAGTT	CATGTTCCACC	TACGCTATTG	1620
	ATGAAAAATA	TCCAGCCTGT	CGTGAAATTA	CTGCCCTCAA	TTAAATATTT	TAACGCACCT	1680
10	TGGGTCATGC	TATACATTTT	CGTTTCTTCG	TTTAAAAATT	CGGCAATCTC	TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG	TCCTTTGTTC	CATCAAATCG	CTCCAATTCA	TTTTTACGTG	TATTAECTAT	1800
	TATACATTGA	GTTATTATAT	TTTTAAATCT	TAGACGTAAA	CATGATAAAA	TGGCCTTGAT	1860
15	TACTCAATAG	TTATATTTTC	GAGAACTGAT	TTGTGATATG	ATATTAAAGA	CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA	ATTTAAAAATA	CCAGAAAAC	TTAATGACTT	AAGTTTACGA	GATATTTTCC	1980
20	AACAACCTAA	GGTACCTAAA	AAAGATTTAC	ATCATTTTAA	TATGTCTAAA	GATATTACTA	2040
	TTAATGATAA	ACCTGCGCGA	TTAATGGATA	AAGTGCATAC	TGGCGACGAT	GTATTTGTTC	2100
	CAACCATCGA	TGAAAAAAGT	AATTATGTTC	CAAGTTATCG	TTATGCACAA	ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA	TATGGCAATC	GTAATGAAAC	CTAAAGGTGT	TAAGACTCAC	CCTAATGATT	2220
	TAAAAGAAAG	CAATACTTTA	ATGAATCATG	TGATTTACAC	TATTGATAGT	GACTATGTCG	2280
	AACCAATTCA	TCGACTGGAC	CAGGAAACAG	TAGGATTATT	AATTGTTGCT	AAAAATCCTT	2340
30	TAATGAAAAA	AATTCTTGAT	CGCATGTTAG	AAGACAATGA	TATTACGCGG	ATATACAAAG	2400
	CAAATGTTAA	GGCACTTTTA	CCTTTAAAAC	CACAAACGAT	TGATATGCCA	ATTGGTAAAG	2460
	ATAAATTCCA	TTCGAATAAA	CGACGTGTGT	CTCCTACTGG	ACAGCGTGCA	ATTACACACA	2520
35	TTTTAACTTC	AAAAATGATA	AAAGAAGCTG	TGTGCCmACT	TGAAATCAAG	TTGGATACTG	2580
	GACGTACTCA	TCAAATWCGT	GTGCATTTAG	CTGAAATTGG	TCACCCTGTT	ATTGGTGATC	2640
40	CTTTATATGG	TGATTCAACG	TTAAGACAAT	TAGAACTTGA	AAGTTACAAA	ATAGAGTTTG	2700
	TGcATCCCTT	GACTAAGGAA	GTCATTTCCG	TTTCTTTGGA	TGACTAATTT	GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT	tAAACATGCA	ATACCGCATT	GTAACATAAT	CAAGTATCAA	CtTAAAcGGA	2820
45	TAGATGGAAA	ATTATTAATT	TTTTCAGATG	TTCGGTTTTT	TTGTTTTTTA	CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT	TTTGATATTT	TAGTAATTAT	TCATTTTATA	ACATCCTTGG	ATAATGACTT	2940
	GTAGTCITTT	TCAACTGCGT	TACGTGTATC	TATGGACAAT	ACATGACATC	ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT	TGTTTGGCCA	ATACATGTAC	AACAATTCAT	CATATAAAAA	ATAGGTTCTA	3060
	TAATAAAACG	GACTCCATGA	AAAGTTTTTC	CTTTTCATGG	CTCTATATCA	AATCAGACTT	3120
55							

	CCAAACTTTA TTTTATATTA ATATTTAATT AATGAGGATC TACCATATCT TCTGGTTTAA	3240
	TCCATGCTTC AAATTGTTCT TCTGTAACAT ATCCAGTTTG AATTGCAGAT TCTTTTAAAG	3300
5	TTAAACCTTC TTTATGGGCT TTCTTAGCAA TTTGAGCTGC TTTTTCATAA CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC AGTAACTAAC ATTAATGATT GATTTAAATA ATTATCAATA TTCTCTTCGA	3420
10	TTGGTTCAAT GCCCACTGCA CAATTGTTAT TAAATGTTTC CATACCATCA GCTAAAAGAT	3480
	AAATTGATTG TAGTGTATTA TGCATAATAA CTGGTTTATA AACATTCAAT TCAAAGTTAC	3540
	CTTGTGAECT TGCGAACCAA CAACTGTATC ATTACCCATT ACTTGGACTG CnACCATTGT	3600
15	TAACATTTCA CATTGTGTAG GATTAACTTT ACCAGGCATA ATTGATGAAC CTGGTTCATT	3660
	TTCAGGGATA GAAATTTCTG CCAAACCAGC TCGTGCCCT GAAGCCAACC ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT TTCATTAAGT CTCCTGCTAA TGCCTTCAAT GTTCCATGCA ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC GCTGTAAGTG CGTGGAATTT ATTTTCAGAA GATACAAATG GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA ATATAATGTG CCACTTTATC ACCAAATTCA GGATGCGCAT TAATACCACT	3900
	ACCAACAGCC GTACCACCGA TGGCAAGATT TAAAATGTGC TTCTTAGATT CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA CGGTCAAGCA TATAACGCCA GCCACTAATC TCTTGTCTTA GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT TGTAATGTG TACGACCAAT TTTAATAATT GAATCAAATT TATCTTCTkT	4080
	TTCTTTCAAA GTATTTCTTA AAAGTTTTAA TGCAGTTTCT AATTTTGTTC CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA ACGTGCATAG CAGTTGGGaa TGTATCaTTC GaACTTTGAG ATTyATTTAC	4200
	ATCATCATTk GGGTGGATAC TTTCATCACT TTGATGATCT TTAAATACA TATTAGCAAC	4260
35	ATAACTTACT ACTTCGTTCA CATTCAATTT ACTTTGTGTA CCGCTTCCTG TTTGCCATAC	4320
	AACTAGTGGG AAGTGTTCAT CTAATTCACC TGATAAAATT TGATCACATG CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC TTTGCCTCGC TTAATTTTCC TAAATCAAAA TTAGCTATTG CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT GCAAAACCAT AAACACTTTC GATTGGCATA CGCTCTTTAC CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA CTTCTTTCTG TTTGAGCACC CCAATATTTA TCTGCAGGTA CTTCTATTTT	4560
	TCCAAAAGTA TCATGTTCAA TTCTTACTGA CATTCAATTT CTCCCCTTAT CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG TATATCATT AATAATTTAA TTGAGCAATT TATGATTAAA ACGTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT AAAAATACAC TAATCGCACG TGTTCCACCT TTATTACAGT GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT GTGTTATCTA TCATTATTTA GTTATTATTG AACTAAGTTT AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA GTAGCTTCAA CCGTAGCAAT AGCTGTAAGT ATATATAATA CAGCACTAAC	4860
	AATTGTCGTA TATGGATTTA GAGCAACAAG CGTaCCTAAA ACTCCTGTTA AACTCGCATA	4920

55

	TACAATACCT GATTGATTAC TTTTAATGAA TGTTTGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC	5040
	TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC	5100
5	AATTGCCAAT GGAAAAGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAAGTGTG CTATCAATAA	5160
	TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTTCA TTCCTCAATA	5220
	GCATATCATA ATCTTGGCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAT GATTTCAATTA AAAATATTAC	5280
10	TGATAGATGA CTTCTTTCAA TTATGTCTGG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG	5340
	TGTTTTAATA TTTAAAATTG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG	5400
	TTTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT	5460
15	CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT	5520
	CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAACTCAGA AACTGGTGGA	5580
20	AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT	5640
	AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAAGT TGGTGGAAG	5700
	TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT	5760
25	TTCTACAAAC AATGTAAAGT GGGGAAACAG CCCCACACT GAAACTAGCA GAAAGTCAGC	5820
	TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAAATGCTA CCTAACTTCA TATTCAAGAT	5880
	AATCAATCCT ATTTGATATA TGTTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA	5940
30	TATTACACAA TTATAATACT TTACTGACTG TCTTCTTCAG AATTCTTTTC TTGATCATTT	6000
	TGATCAGAGA TTTGTTCCaT TTCTTTACCT AATTCTTTTA AATCTTCAA ATCCGTTACC	6060
	ATACTGTTTT CTTCTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT	6120
35	ACCTCACAGA TTTTAAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT	6180
	AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG	6240
40	GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTTCAACTAC ATCTCGTTTA	6300
	TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAAATTTCT CTTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA	6360
	ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT	6420
45	TCTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA	6480
	TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT	6540
	AAAATATTTA TTTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTCTT TAATTCATCT	6600
50	AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA	6660
	AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT	6720

55

GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTTAACATGC 6840  
 TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT 6900  
 5 TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCATAAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG 6960  
 ATAAATTTAA TGAACGAATA TGTTCACCTA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT 7020  
 TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTG TTTCTTTTCC AAAAATGAAG TAAAAATCTT 7080  
 10 TGTGATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT 7140  
 AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA 7200  
 CAAATCCCA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA 7260  
 15 GAGGTTTAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGCAA TGTTACCAGT 7320  
 ATTAGCTGGG ATTTCTGGTT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC 7380  
 20 TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACCTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG 7440  
 CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCCAA GAATTGACC AATGGCCCAA TAAGCAGTTG 7500  
 CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTTG CAACTTTTTT CAATTCTGGA ATTGCATCCA 7560  
 25 CTTCAITAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTCGTTG TATCGGCTTT TTACCACGCC 7620  
 AAGCACCTGC AAGGTGACCA TATGTTTGTT TGAATTCCTT ATTAGACATA CGTAGTAAAG 7680  
 GTACTAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGTT CCAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA 7740  
 30 TACCTCTATT TTTCGGACAA ACTTGTTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCCAA 7800  
 TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTGTGTTG CGTTAAAAAA CTAATGCATT 7860  
 TCTGACTATT TAATTGGCCA TTCCAATA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA 7920  
 35 TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC 7965

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1302 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT 60  
 50 GGCAATTATA GTTATTTTGC TGTTTTTAAG AAACATTTCGT ACGACGGCAA TTTCTATTAT 120  
 ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGAGTG ATGTTTCATT 180

55

TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA 300  
 AAATTTAATT ATCAGTGC GA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT 360  
 5 TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTAG 420  
 ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT 480  
 CGTTCCAGCG TTGGCAGCTA CACTATTTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA 540  
 10 TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAA GTATTACATT GGTCATTAAA 600  
 TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG 660  
 AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC 720  
 15 TTATACACCG AAGCCTGGTG AAACGGAGCA AGCAGTGTG AATCATGCGA AAGATGTTGA 780  
 AAAATATTTA AAACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCOA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG 840  
 TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA 900  
 20 CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTATTAAA CATGCAGATG GCTTTAAACA 960  
 TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAAATAAAT CTGTAGAGGT 1020  
 TACTGTAAAA GGTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA 1080  
 AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA 1140  
 GTATGAAATT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAT GGTATTTCTG CAAGTCAACT 1200  
 25 TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG 1260  
 TAAACTGTT GATGTTAAAG TCAAACAAAA TAAGCAAACA GC 1302

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1003 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45 ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCAGTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT 60  
 TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTTGTACTG CTTATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG 120  
 TTACTAAAAT TCTTTCATGT TCGATTAACT CTAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT 180  
 50 TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA 240  
 ACAAAGTACC ATCGTTCCTT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG 300

55

5 GATAGCTTTC TTTGTTGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420  
 CTTTAACACT ATCTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480  
 CTGTAATTGT AGCACCAAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540  
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTCT GCTTGCCAAG 600  
 10 TAAAATCATG TGCTTGTA CA GGCCTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660  
 CGATAGATAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720  
 CAATATTGTG TTTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780  
 15 CAATTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840  
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGAtC GACTGTAGCA CTTGATAATA 900  
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960  
 20 TCTCATAATC ACGCGTaCCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 5030 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

30 GGCTTTTATA GTGTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60  
 35 AAATAACCGT ACTGTTCAAT ATGGTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120  
 TATCAGAGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC 180  
 ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240  
 40 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTTAATGGC ACGCCCATTA 300  
 AAATTACGGT nTTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACCTa AGCCATGTAA AAACGAGATT 360  
 45 ACACGTCAAT TGTTGTGTAA TCTCGTTTTA TnTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTCA 420  
 ATTTGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTACAGT TACTTGTTTA 480  
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540  
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTTAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600  
 GGCATTTGAG CACCGATATG ACTTGGATTA CTCTTATCTG CTTTGGCTT AACGTTGCA 660  
 55 TTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720

	CGTTTACCTT TATCGATTTT GATTTCTACT GTTTCACCAT TACGCATTCC AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT CAAGTAACGA TAAGTTTCCG TATTGATTTT TAGTTTGAAT ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG GATATAGTAC ATAACATAATA ATATCTTGCT CCGTAACAGG ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA GCAACTCACG GACTTTTTC AATCAACTG GCTCTAGATA TTCACCTGGA	1020
10	CGAGCTGTTA GTGCTTCTTG GCCTTTTAAA ATAACCGCTT GTAAATCTTT ATTAAAACCA	1080
	TTTACAGGTT GTCCTATTTT ACCTTTGAAG AACGACACTA CTGATTCTGG GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT CTGTAATCAC GGATTGTTCA TCAAGATCAT TTTGTACCAT ATAAAGTGCC	1200
15	ATATCACCAA CTACTTTAGA CGATGGTGTG ACTTTTACGA TATCACCAA TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT ACATATCTTT GACTTCATCA AATCTTTCGC CTAAACCTAA ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA AATTGGAATA CTGTCCACCA GGCATTTTCT GTTGATAAAT TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTTGA TATCACTTTT AAAGTCTGAA TAATAAGTAC GTACAGTTGA CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGACT CCATACCTTC AATATCAGTT CTAAGGTGGC GTGGGAAGCC ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG AATTGGCGCT TGGCTGACTT GTTAAACCAC TCATTGAAGC AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT CGACACCAGC ATCTATTGCT TGTTTGTATG TTAATAAACC ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG TGTGAAGATG AATTGGTAAA TCTACAGCTG ATTTTAACTC ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG CTTTAGGTTT TAATAAGCCT GCCATATCTT TAATCGCTAA AATATGGAAA	1740
	CCTTCACGTT CTAACCTTTT AGCTAGTTTG ACATAATACT CTAAAGTATA AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT TTAAAATGTC ACCTGTATAA CAAATAGTAC CTTCTGAGAT TTTGCCCCGCT	1860
35	TCTTGACTTG CTTTATTGGC AACTTTCATT TGATCTACCC AGTTTAATGA ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT CTATGCCTGC TTTAGCACTT TCTTGACGA ATTTATGAAT AACATTATCA	1980
40	GGATAGTTTT TATAACCAAC TGCCTTTGAA GCACGTAACA ACATTTGGAA TAATACATTT	2040
	GGAATAGCTT TACGTAGACG TTCAAGTCGT TCCCATGGGT TTTCTTCAA GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA ATGTAGCACC GCCCCACATT TCTAGTGAGA AACCATCTTT AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTGG ATGCGATATT AATCATATCC TTAGTTCTAA CTCGTGTAGC TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT CTCTAAAGGT TGTATCTGTT AGTAAGACAT CATCCTGCTT TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC CTTTTGGACC TACTTCATCA AGCAATTGTT TCGTACCACT AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG AAGATACAGT TGGAATTGAT GCTAATTCAT AGTCTGGTTT CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG GGAAACCATT AATTGTTACA TTACCTATAT ATTCTAATGT TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG ACGGCTGAAT GTCGAAAAGT TCTGGTGTTC CTTCAATAAA TTTAGTTGTG	2520

	TTAACACCAC GAATACGCAT TTCTCGTAAT GAGCGTACCA TTTTCTTTC TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG CGTGTGTAGA TAATTTTACG AGTAATGAAT CATAATAAGG TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGA AACCATCTCC AGCATCAAGA CGTACACCAA AGCCCCGCT TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG TTCCAGTATC CGGCATGAAA TCATTTAACG GATCTTCTGT TGTAAATACGA	2820
10	CATTGGATGG CATAGCCTAA TGTGTGAATA TCTTTTGTGTT GCGGCATATT AATCTCTTCA	2880
	CCAAATAAAT CGGCACCTGC TGCAACTAAA ATTTGTGTCT TAACAATATC AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG TAATTGTATG CTCTACTTGT ACACGAGGGT TAACTTCTAT AAAGAAGAAT	3000
15	TCGTCACCAG AACTAGAAA TTCAACAGTA CCTGCATTGA CATATTTAAT ATTTTCCATC	3060
	AATTGAATTG CAGCATCACA AATACGTTGA CGTAATGTTG ATGATAATCC AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA CAACTTTTTG ATGACGACGT TGTACTGAAC AATCACGTTT AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT CATGTTCTGC ACCTATGACT TGTACTTCAA TATGCTTTGG ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA TGTAACTTC ACTATTACCA AATGATTTTT CAGCTTCTGA TTTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT CTTCTAATTC ACTTTCTTCA CGAACGATTC TCATACCTTT ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG CTTTAATCAT TAGCGGGAAA CCAGCTTCTT CTGCAAATTC TTTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT TAATTGGACC GTCTGTACCA GGAATAACTG GTAAATCTGC CTTGATAGCC	3480
30	GTTGTACGAG CTTAACTTT ATCTCCAAAC ATATCTAAAT GTTCTAAATG AGGACCAATA	3540
	AATTTAATTC CTTCTTCTGC ACAACGACGC GCAAATTGTT CATTTTCACT TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT GAATCGCATC CACATTCGCT TGTTTTGCTA CATCAATGAT ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC TTTCAGCAGG ACCTAAATCA CTTCCAATA AATAGGATTC ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA ATGAACTTTT GTCTTCATTC GAATAAATTG CAACTGTGCT GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG CTCTGAATAT ACGAATTGCA ATTTCTCCAC GGTTAGCAAC AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTTGTT TCAATAGCGA TACTCTCTC AACTATTAG AATTTTCTAA CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT TATCTTAAAG CGCTCTGTTT TGCTATAGTt mTGTTTCmAA TTTTCAAAaT	3960
45	TTaACATyCT tGAGACAATT AAAaCCyCCG CTTcmGaaAT AATAATTTCA AAAATGACTA	4020
	TGCAACAACA GGTAGTTCCA CGTTTTTGTT GTGAAACATT TTCGATTTCT ACAACTCTAA	4080
	AAAATTAAAA ATAAAATTGC AAAACATCAA CATTTATTAT CAATAGCGAT AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG ATTCTAATTT CGCCACCACA TTAGTAATT TTAGTCATA AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC GTTGTTTTGT TTATAAAATT TGATAATCak GAGTAATCtC GTAATATCAA	4260
55	AACaAAAAGG AAGTTAAGCG TTGTTTGGTT GcCTAACTTC CGTTATTGAA CTCATCcAGT	4320

TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT 4440  
 TGTGTGTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTTGTT TACCTACAAT CAGAAGTAAA 4500  
 5 CCCATAGCAA TACTTAAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC 4560  
 ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA 4620  
 AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA 4680  
 10 AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT 4740  
 AAACCTAATT CTTCGCAAT AATTGCAAAA ATAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG 4800  
 15 CCCAATTTCA TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA 4860  
 AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTCTGA ATTGGAATGG ATCTGTTAGC 4920  
 GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACTTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT 4980  
 20 ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT 5030

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1389 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA 60  
 35 ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT 120  
 TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGaACTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT 180  
 TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA 240  
 40 ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC 300  
 AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT 360  
 AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA 420  
 45 AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA 480  
 ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTTAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT 540  
 50 ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT 600  
 GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA 660  
 AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTTCGA 720

55

ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG 840  
 CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG 900  
 5 AATTAGCTGG AATAAACCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG 960  
 GCCAGTTGCT TATACAAC TAAGTACAC TAACTTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT 1020  
 TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT 1080  
 10 TGTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA 1140  
 GAGAATGTTA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCGC AAAAC AACTAGTAG GGAAGAACT 1200  
 TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAAATGAA 1260  
 15 GGTGCGTATA GTAACCTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG 1320  
 GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT 1380  
 20 TTTTATTTA 1389

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2746 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT 60  
 35 AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACAACAATT TGCTGGTTAT 120  
 GCTAAAGCAT TAGATAAACA AAGTAATGCA AAAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAACTT 180  
 TTaAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG 240  
 40 ACGGTAAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TTAAACAAAT 300  
 CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACCT CATCGCTAAA GATTTAGACC 360  
 AAATTAAAGA TAAAnATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TG rAAAAGGG KTTTATTTTG 420  
 45 aAGAAGATGG cmAAGTTAGA TTAGTAAAAG CTACGCCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGAnA 480  
 AAGAAAGTGC TAAACAGTT TCAGCAAAAT TGAaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC 540  
 50 CTACTAAAGT TGAAGAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT 600  
 TAAAAA ACTT CAAAATTwGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTcAGTA 660  
 TGGCAGCATT ATTAAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC 720  
 55

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GCGGTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAaTTATCAA	1020
10	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACCTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCTTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
30	GACTTAATAT CATATTCAAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTTGTC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATTA TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
45	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTTGGA ATAATACGAA	2220
	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTTCA	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAGGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTAT CATATTCTCT AAGTGTTCCT CATTGTCTGT	2520

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640  
 TTTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700  
 5 GTTGGTACTT TAATTTCTTt CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTTG 2746

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 900 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CCAAATTGA 60  
 20 AGTTTGAATT TTAAGCAT CTTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTCAAA GAAATTCATT 120  
 TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTTATAGTG TGTAGTATAT 180  
 GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240  
 25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300  
 ATATCCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTG AACACAAAGG 360  
 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420  
 30 ATTGGAAAAT GGAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480  
 ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540  
 35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600  
 ATTGAAAGAA AAATTAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660  
 ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720  
 40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780  
 AGTTACATTA TGTCATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840  
 45 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGactCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3642 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATCTGAnTnG	AGATAGTGAT	AATGTGTCAC	CcAATTTTaA	AcCtTTATTT	TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA	CaCtTCaTTa	TcTtTAGtCG	cTTTATGcCC	tTcTATTAAA	CtCGGaACtA	120
5	AAAATGaTGa	CtTTTCAACa	CCGAACaCTA	AAACaTTGtC	tTTTtGATGG	CCaTTAGACA	180
	CAATTTCCCC	TGTTTGCTTC	AAAGTAGCTT	GCTTCTTGTA	TTTATTTTCA	ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC	AGATTGTTGC	ACAGTTTGAT	TGGCATCTTT	ATTTAGAACA	ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT	ATCAATGCCT	TCTTTATTCA	TATTGATAAG	ACCATTCGCC	AATCCAGATA	360
	ATAAAAATAG	CAAGTAACTA	ATCATCGTTA	ACACACCAAT	AATTAGTCCA	AACTTCAATT	420
15	TGTTGCGCCG	TATTTcATTc	CAAGCTAAAA	ACATGCATTT	CTCTCCCTAC	TACTATGATT	480
	TAAACATTGT	TTATATTCTT	AGATGCACGT	ACGTCGTGTT	GCGCTCTGTA	ATGTTATACA	540
	TACACTTATC	CTTCATTATA	CCCGAACTTT	TTATATTAAA	AGCAAATTTA	TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT	CTATTATTTT	TGTACGGTAC	ATTTAAaATT	AAGGATCAAT	TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC	CTTTAAGTAC	ATGTAGACGT	CCAATTCATA	TATTATTtAA	CTTCGCCTGT	720
	TTTAGGATCG	AATTGCTTAA	TAGCATTTTT	ACGTAATTTA	TCTTTTGCTT	TrTCACTTGC	780
25	TTTATAGTTA	TTGTTGTAAA	TCGTAGCTTC	CCAACtACCA	TACATTGGGT	TAGGGAAAAT	840
	GATATATTTc	TTACCGAAAT	CGTCTTTATG	TTTTTCAATT	AATGCTTCAC	GAGATTcAGC	900
30	TGTAGCTTCT	TTTGGACTCG	TAAAGTCTAA	TAAATTATCT	CCAAATAGCA	TGACAAGTTT	960
	ATGATCCTTT	TGAACCATTT	GTCTGCGTGA	TTCTTTACTC	TTATCATCTT	TACCTTTTAG	1020
	TAAAATATGA	CTCTTCTTAG	CTTGAGGGAT	ACCTTGTTGT	TTTAAGTTCT	TTTGTGTTGC	1080
35	CTTTAAATCT	TTTTCTTTAT	CTCTATCAGA	AATATAGTAG	ATATCGACAC	CTTTTTTGTC	1140
	AGCATATTTc	AAGAATTCTT	TTGCGCCATA	GACAGGTTTA	GCTTTAGCAG	cTTGTACCCA	1200
	TTCATGCCAA	CCTTCTGGGA	AAGGTTTATT	ATGTATTGAT	GCATAGCCTT	GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA	ACTGTTTCAT	CTAAATCCAA	AGCAATAGCT	AACTTATGTT	TACCTTTATT	1320
	CTTTTTAATC	TCTTTATCTA	ACTGTGTCTT	TGCACTGTTA	TAACCTTGTA	AATATAATGC	1380
45	TTTTGCTTCA	GCTGAATTTT	GATACCAAGC	CACTGCCATA	ATATTTTGAT	TACCAAGATT	1440
	CGCCTTTTGT	GATGCTGGTA	TAGAAGCTTG	TTGCGTTTGT	TGAACCTCAG	CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT	GTA GAATTTG	TCGTTTGTGG	TGCTGAAACT	GTAACCGCTA	CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA	ATATACTTTG	AAATTTTATT	CATCTTATCA	CCTCATGATT	AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA	AATTATAAAT	GCATTTATTT	AATATTGCTA	TACTATGAAA	AGATATTTAA	1680
55	TATTATTTCT	TGgAAAAGCT	AACAAATATG	TGAACATTTc	ATATAAGCAT	GATTTAATGG	1740

	GTGACTAGGC CTTCCTATCA GACATATTCA CTCATCCACG TATCATTATG TGTACAGTGT	1860
	GCTATCTCTT ATTTACCTAT TGGAACAACC ATAAACTCAT CCATAGTTTA CCTTTTATAA	1920
5	ATAGCAGTCC TCACTCATAC AATTTCTCAT AAAAATCACA ACGCTCCAAC GTATTTCCAA	1980
	CTTACTTTCA CCTATTTTAA TTCATAAAAA CGACACTTTA ATTGTCATTA TCCAATAATA	2040
10	GCAAGACGTT ATTATTGCAA TCTTTTTTAT AAAATAATAG AATCATAGTA TTGTCATTTA	2100
	AAGATAAAGT AAGAACGTTT TTATTTTTC AATTTTTTAA ATTATTATGA ATATCTAGTT	2160
	TTAGGAAGGA AATTACATTG AAAAAACAAG TTATTATTTT GGGCCTCATG TTATTTTCAC	2220
15	TATTTTTTGG AGCCGGAAAT TTAATATTCC CGCCCATGCT TGGCCATACA GCGGGTCAAA	2280
	ATATGTGGAT TGGTATGCTA GGCTTTGCCC TTACAGGCAT ATnACTCCCC TTTATTACTG	2340
	TTATTGTTGT TGCATTTTAT GATGAAGGTG TTGAAAGTGT AGGCAATCGT ATACATCCAT	2400
20	GGTTCGGGTT TATTTTTGCT GTCGTGATTT ACATGTCTAT CGGAGCATT TACGGTATTC	2460
	CACGTGCTGC AATGTGCGG TACGAAATTG GTACAAGACA CATTTTACCT GTGCATAACC	2520
25	AATGGACTTT AATTATATTC GCAGCAATCT TTTTGGCCAT CGTTTACTGG ATTAGTTTAA	2580
	ATCCATCGAA AATCGTTGAT AATTTAGGTA AATTATTAAC ACCGTTATTA CTATTAATGG	2640
	TCGCTCTATT AAGTATTGCT GTCATTTTCA ACCCTGAATC TGCACTAAGT GCACCTAAGG	2700
30	ATAAATATAT AACACATCCT TTCATTTTCA GAAGTTTGA AGGCTATTTT ACAATGGATC	2760
	TTGTTGCTGC GTTAGCTTTT TCCGTAGTCA TTGTCAATGG CTATAAGTTT AAAGGCCTCA	2820
	CAGATCGCAT GAAAATTTTA AAATATGTCT GCTTTTCAGG TCTTATTGCA GCCATATTAC	2880
35	TTGGAATGAT TTACTTTTGA CTTCATACG TTGGGGCATC AACAGCTCCA GGAAACTTTA	2940
	AAGATGGTAC AGATATATTG ACGTACAAC CATTACGATT ATTTGGTTTC TTCGGTAACC	3000
40	TCGTATTTGG AATGACGGTT ATCCTTGCAT GCCTAACAAC ATGTATAGGA CTCGTcAATG	3060
	tTGCGCCACA TTTACTAAGA AACACGTACC TAAGTTTTCT TATAAAATAT TCGCACTTAT	3120
	TTTctCTATC ATAGGGTTCT TATTTACAAC ACTTGGTTTA GAAATGATTT TAAAAATTGC	3180
45	TGTCCCATTA TTGACTTTAA TATATCCCGT GTCGATTGCA CTGTACTCA TATCATTTGC	3240
	TAACATGTTT AGCACATTCA GATTCAGTTG GGCCTATCGA CTCGCAACTG TTATTACATT	3300
	GATTATTTCA ATTTTACAAA TACTAAATAG TTTCAACTTA TTACACGGTG TTATTTTGAA	3360
50	ATCGTTTATG ATGTTACCTT TAGCAGATAT CGATTTAGCT TGGCTTGATC CATTCATGCT	3420
	CTTTGCTATT ATCGGTTTCA TAATCGATGT ATTTATACGC CGTCCGAAAC AAGCGACAAC	3480
55	TTAATAAATG CTCACTGCCT AGTAATGATT GACCCATCGT TACTAgGCTT TTtATATGA	3540

TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2187 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAACTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTTCTTGT TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATTA ATGCATTTAT ATAAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTC ATTTTCCATA	480
	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
30	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCACT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAAnCCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
45	TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAAGT GTATATAGGA AATACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
	TGTAAATAC TTAAAATAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440  
AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTGGT 1500  
5 CTTGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560  
ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620  
AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680  
10 GATGTTAAAG TTAAAAAGG TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740  
ATTGTTAAAG TTAAAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT 1800  
15 CATGACATGG GCAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860  
GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATTT 1920  
TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTTCGCC 1980  
20 TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTTCGCC 2040  
TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTCGC 2100  
CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACAACCTGA GGTCACTACG CTTCCGTTTCG 2160  
25 CCTGCGCTTT AnCATGGCCA TAAAAGC 2187

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCCTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT 60  
40 GCTTAAGATA GAGTGTAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120  
CTTTTTTCGTC ATATTTCACT TTAAATAAA TGA CTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180  
TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCATTAA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240  
45 GGAAAATGAA AAAATTTTTA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300  
ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360  
50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTA CTAACAT TAACAAAATC 420  
GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAAA CACCTTTTTA TACAGGACGC 480  
ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTGTGTGTTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540  
55

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660  
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAACTGCT GCTTTCGTCG CACTATAAAT CGTACTACTT 720  
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780  
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840  
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900  
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTGTGTTGTG CAATTTTTTAT CAATTCATCG 960  
 ACTTCTTCTT TATTGTTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020  
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACTTT TGCCCCCTCT 1080  
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140  
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTG ATTCTTTTTTA TTTTTTCAGG 1200  
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260  
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320  
 CGTTGCTTAT ATTTTTTATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACCTTCTT TATTGTAAAA 1380  
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440  
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500  
 30 ACCGCATTTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560  
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTGCACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620  
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGTATATT 1680  
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGGAAGGATT CTAATATCAT 1740  
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GTnAATCC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1341 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TTAAAACAAA TGGGTCTTAA 60  
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120  
 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180  
 55

	GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAACT AACCAAAAGA TAAAAAAGAG TATTGATTTT	300
	TTAATTAGAA AAGTGTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA	360
5	AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT	420
	GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC	480
10	GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT	540
	CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT	600
	CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT	660
15	ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGGCGAA CCAAAACAAA CTAAAGTTGC	720
	TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC	780
	TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TCGGTATTAT CGAAGGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT	840
20	TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTTG ATTACATGAT TTAAACGATG AAGCAGATAA	900
	CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA	960
25	TTCATAAGAT TAATTCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA	1020
	GGAAATTCCG CTAAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA	1080
	TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA	1140
30	ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT	1200
	AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG	1260
	AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA	1320
35	AGCAGCAGGT GCTGACTATG T	1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                             |
|----|-----------------------------|
| 40 | (A) LENGTH: 5136 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid      |
|    | (C) STRANDEDNESS: double    |
|    | (D) TOPOLOGY: linear        |

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

	CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATTCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC	60
50	ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TkACTTCATC	120
	ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTGCTTC	180
55	ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCTTTAA CATCTGCACC	240

	CTTAATCTTC	TGATTTGCTT	TkTCTTTTCGC	TTCCTCTATT	AGAGACTTTT	CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA	TACTGCTTAG	ATAAATCATC	ATGCACTTGT	CCGCKtskTT	TACAAGACGG	420
5	TCCAGkTCTA	ACCTCTGTGT	CTCTACACGT	TTGTAATTAC	GCTCTAATGA	TTCAATCATT	480
	TCATTTATTT	CTTTTTCATC	AGTACCAATC	ATCGTCTTAG	CCTTATTAAT	AATATTCAAA	540
	CTAAGACCTA	ACTTTTTAGA	AATGTCAAAA	GCATTTGAAC	GACCCGGCAC	ACCCATTAAT	600
10	AACTTATACG	TTGGA CTCAA	AGTATCTACA	TCAAATTCTA	CACTCGCATT	CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT	AACTATATGC	TTTAAGTTCA	GGATAGTGCG	TCGTTGCCAT	TACTAGAGAA	720
15	CCAATTTTTTC	TAACATGATC	TAAATGCTC	ATTGCTAATG	CAGCACCTTC	ACTCGGATCT	780
	GTACCTGCAC	CTAATTCATC	AAATAAACT	AACTATGTT	TGTCTGCATG	CTTTAAAATT	840
	TCAACTATAT	TCGTCATATG	AGATGAAAAA	GTTGATAATG	ATTGTTCTAT	TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT	CGCAATATAC	ATTTTTAAAT	ACACTTAACT	GACTACCATC	AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC	CTGATTGAGC	CATAACAATA	ATTAAACCTA	ATGTTTTTAA	TGTTACAGTT	1020
	TTACCACCTG	TATTCGGTCC	TGTAATAATT	ACCGTTTCAA	TATCTTCCAT	AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA	CAACAGTCTC	ACGATTTAAT	AATGGATGGT	ATGCTTTAGG	TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT	CTTTAAATAT	CGGCTTTGTT	CCTTTAATAC	TTCTACTATA	TCTCGCTTTT	1200
30	GCGATTAAAA	AATCTAACTG	ACCCATGACT	TGTTCTGCCA	CAAGTAGTGC	ATCTTTGTCC	1260
	GCAGCCACAT	AACCAGTTAG	TTGCGTTAAA	ATGCGTTCTT	TTTCAATTGC	TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC	TAATTTGATT	ATTCATTTCA	ACAACTGATG	ATGGCTCAAT	ATACAATGTT	1380
35	TGTCCTGAAG	CAGATTGATC	ATGTACAATC	CCATTAAAAT	CTTGTCGATA	TTCAGCTTTG	1440
	ACAGGTATAA	CGTTTCTTTC	ATTCTTAACT	GTTACAATAG	CATCTGATAA	TTTTTTCTGA	1500
	TTTGCTTGGC	TTTAAACAAT	ACGGTCCAAA	TTTTGTCTAA	TACGTTGATT	CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC	TAATCCCTTG	CAATTCATAA	CTCGCATTAT	CATATAAATC	ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT	TTATTTGTTG	AAAAAGATCA	GTTAACACAG	GTAATTGATT	CATCTTGTCa	1680
45	TCTAATATTG	GGTATTTAAC	ACCTTCATCT	TCTTCAACCA	ATTGATTATA	AAATGTCTTG	1740
	AATTGATTTT	GTA CTTGAAT	TAATCTTTTT	ATCAAGTTAA	GCTCTGATAC	ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT	CAGCGCGATG	AATGAATGCT	GATACTTTAG	ATAAGCCACT	CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT	TATTATAGAT	TTGAGCAATC	TCATCCGTTT	CTTCCATTTG	AAAAACAACC	1920
	GTTTCAAAAT	TAGTAGCTGG	CATCATTTGA	TTGACCTTTT	CCAAGCCTAA	GTCAC TAATA	1980
	GTTTCATTGG	CAACGAGTGA	TTTTATTTTT	TCAAATTCTA	AGACGTCTAA	TGTTTTTTGT	2040
55							

	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGTtACAA ATCCTTTTTG CGCAGTTGtA	2160
5	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTTG TATGATGCGC ATCAGTGTTA ATAGTTAATT	2220
	TCACATTGG ATATTTACGA ACGATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTC GTTTCTTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTGCGTT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGTTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCAATTAGCT AATCGTTCCA TAATTTGTTT TTCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTCA CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTCGCTAC	2820
25	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTTCATAT ATCTTGGCTT	2880
	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTTGTTCAAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTGGTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGCTAATTCT AATGAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCTTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
40	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGACCAAA GTTGTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTTGTT	3360
	CCGTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAAGT GGAATAAGAC CTTCCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTGATAATA AACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960  
 TAAAGTGTA GACAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA 4020  
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080  
 TGAACCTACA AAACAATGTA ATCATTAATA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140  
 10 GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTTAGGA TATGGAATAA 4200  
 ATACAATTAA TCTTCTACA ATAGATTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260  
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320  
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380  
 ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440  
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500  
 20 CCTAATTCTT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA 4560  
 TCTTCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTACCTT GTTTTAAAC 4620  
 TGTGTCATTT ATAATTCTC CTGATCCTTT TTTTAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680  
 25 TGACTGGATA GTTGTCTGA ATTGATACT AATATTGTTA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740  
 AACAACACAA TCTCTATAGA TGACTTAATG TTCTTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800  
 30 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGTCAC TAACATTTTC ATAAACATTA 4860  
 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT 4920  
 GTTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTTG CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980  
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040  
 CATTAATGTC ACGCATTTCT TTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100  
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCCTTTGA ACAAATCTAT TTAAACGCA CATTCCCATT 60  
 ATGACAAATT AAATGTGAGT nACATTTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAAACT 120

	GGTATCTTTC AAAGATAAAA TCTTAATAAT TTCTTAGTAA ACTCTTTTCT CTAGATTTAT	240
	CACAATATTA TATAGACCTA TTTTATTTTG ACGTAAGTTG CTAGTATCTT CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA AAATTCATAC CTTTATGCTA TCGCTGTAGG CTCATTAACT TGTACATAT	360
	AATTCTTAAC TATCCTTTGA TGATTGTTTT ATTAGATTGT TTCGTTGATG GATACTTTCA	420
10	CGAATTTCTA TAGTTCAATG CTAATAAAAA AACAGCCCAA AACTTTAATT TGTTTTGGAC	480
	TGTTTTATAA TTATGCTTGC GATGGTGTTT TAGTTTCTGA AGTTTGTTCA GCAATGTCAT	540
	ATTTAACTC TTTACCATCA TGATCTACTG TAACTTTCTT ACCTTCAATT TGATTACCAT	600
15	CTAATATTAA TTCACTTAAA TTATCTTCGA TAGTTTTTTG TATCGCTCTA ATTAATGGTC	660
	TGCAACATA TTCTGGATCA TATCCTTCTT CTGCGATTTT GTCTTTCGCT TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT TATGTTTTGT TCAGATAATC GATTTGTTAA TTTATTAACC ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT TAATCTTCT TTTGTTAGTT TATGGAATAC AATGATATCA TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC TGGACGGAAT GAATTTTTTA ATTCTTTTAA CATCGTTTTT CGAATTGTTT	900
25	CATAATCTTG TCCATCACTT GAACCACCGA ATCCAGCAA TCGTTGATCT TGTAATTCTT	960
	GTGCCCCAAC GTTTGATGTC ATTATGATAA TTGTATTCTT GAAATCAACT GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT CAAATGTCCA TCATCTAAAA CTTGTAATAG AATATTAAAT ACATCTGGAT	1080
30	GAGCTTTTTC AATTTTCATCA AATAAAATTA CAGAATATGG TTTACGTCTA ACTTTTTTCAG	1140
	TTAATTGTCC ACCATCATCA TGACCAACAT ATCTGGAGG AGCACCAACT AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTT TTCCATAAAT TCACTCATGT CTACACGGAT CATCGCATCA TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC AGCTAAAGCT CTAGCTAATT CAGTTTTACC AACACCAGTT GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT ACCAATTGGT CGTTTAGGAT CTTTTAACCC TGCACGGGCA CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT TGAATTAACA GCATCTTTTT GCCCAATAAC TCTCTCATGT AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG AAGTTTTTCA GATTCTGTTT CATTGATTTT AGTTAATGGG ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT AACTTCAGCA ATATCTTCTT CTGACAATGA AGTTGaCATG CCATTTTGTG	1560
45	CATTCTTCCA TTCATTTTTA GCTTCTTCAT ATTGCTTTTC AAGTTTTGTT TGTTTATCAC	1620
	GCAGgTTAGC AGCATTTTCA AACTCTTGAG CATGTACTGC GGCATCTTTT TCATTTTTAA	1680
	CTTTTTCAAT TTCTTGTTCA ATTTCTTTTA AATTATTAGG TGTCGTATGA CTCTTAAGTC	1740
50	TTACTTTAGA ACTTGCTTCA TCAATTAAAT CAATTGCTTT ATCTGGTAAG AAACGATCTG	1800
	AAACGTATCT GTTACTTAAT TTAACAGCTG CTTCAATAGC TTCGTCTGAA ATATTAATAC	1860
55	GATGGTGTGC TTCGTAACGA TCTCTTAATC CTTTTAAAAT AGCAACTGTA TCTACTACTG	1920

	TTTTGCGATA	TTCATCTAAT	GTAGTAGCAC	CAATACATTG	TAATTCACCA	CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA	AATATTGAA	GCATCGATAG	CACCTTCAGC	ACCACCAGCA	CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC	ATCAATAAAT	AGGATGACAT	TACCTGCTTG	TTGGATTTCT	TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG	CTCTTCAAAT	TCACCACGAT	ATTTAGTACC	TGCAACTACT	GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT	AACACGCTTA	TCTTTTAATG	TCTCTGGTAC	CTCATTATTC	ACTAtGGctT	2280
10	GCGCTAAACC	TTCAGCAATA	GCAGTTTTAC	CAACACCTGG	CTCTCCAATA	AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT	ACGTCTACTT	AATACTTCAA	TTACACGTGT	AATTTCTTTA	TCACGTCCTA	2400
	TAACAGGATC	TAATGTACCG	TCTTTGGCAA	TGACTGTTAA	GTCACGAGCT	AAACTATCTA	2460
15	AAGTTGGAGT	ATTATTTGAC	TTACTAGCTT	GTGCATTTTT	ATTACTCATT	TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT	CACAACTTGT	GCACGTGCTT	TAGTAATATT	TAAATCTAGA	TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC	AACACCTTCA	TTTTACGAA	TCAAGCCTAA	TAAAATATGT	TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG	ATGTAATTTT	CTAGCTTCAT	CCATCGATAA	TTCAATGACT	TTTTTAGCTC	2700
	TAGGTGTATA	ATGCAATGTA	CCAACATGAT	CTTGACCATG	TCCGATTAAT	TTTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC	TTTATCTTCA	GTGATATTAA	AACTTTCTAA	TACTTTTGCA	GCAATTCCTT	2820
	CAGGTTCTTT	CATTAACCCC	AATAATAGGT	GTTCTGTTCC	TATATTTGAA	TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC	TTCTTGGGCA	TGTGCTAATA	cGCGCTGTGC	ACGCTCAGTT	AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA	TAATGACCTC	CTACTTTATA	TGTTCTCTTA	GTATATCTGC	TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT	TGTCATCTTC	TTCATCTAAT	AAAAATGGTG	ACTGTATAGC	TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT	TAAAGTTTGT	TAATTC AATG	TAATTTAAAT	CTATACCAAG	TTTAACTcGC	3120
	TTAATCTATA	AGAAGCCTCT	TCCATAGTTA	TCATTCTACA	GTTTTGTAAA	ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC	ACGGTCTTGT	GTTTCTAATT	GATTATAAGT	GTCTAACTTT	TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC	ATGAATGATT	TGATTAACAA	CTTCTGTTAA	TGTTTCTATG	ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTACC	AAGTGTAAGT	TGGTTGGATA	CTTGATAAGT	ATGTCCATAA	ACTTGCGAAC	3360
	CTTCACCGTA	AATACCTCTG	ATTGTATATC	CAAAACGATT	AATGGTTTGA	GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT	CATAATAGAT	AGACCTGGCA	AATGTAGCAT	CACGCTTGCT	CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT	GGTAGGACAT	GTAGTTAAAT	AACCAAGTTG	TTCATCATAA	CTTATATCAA	3540
	GGCTTCGATC	TAATTCATCA	TCAATTGATG	AAGCTTGATT	ATATAAAGCC	TGTAATGTCTG	3600
50	TGTCAGTTCC	CATAGCTTGA	ATACGAATAT	GGTCCTCTTC	ATTTATCATG	ACACTTAAAG	3660
	ATTCATCGTC	ATTCACTAAT	ACTGCGGCTG	CTGGTTGTTT	TATTAGTTCA	GGACTAATCA	3720

55

	CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATAACTCT AAATCCCATC ATTTTCAGTA	3840
	GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAATACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC	3900
5	ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA	3960
	TGCGTCATCA TGTTCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAT	4020
10	GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCAT AAGTTTTTTC AAATATTCAT TCTTTTCTTC	4080
	GATTTTTCGC TTAAAGCTA TCTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCTTTC CAACGTGCTC	4140
	AAATTGTCCA CCTTGAATC TGCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGCATA	4200
15	ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC	4239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1245 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

	CAAAACTTTG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTTATTT	60
30	TTTATTTATT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTC CAGTAAATA GGTCAAATTA	120
	CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC	180
	TCTTGTTGTTA TTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT	240
35	AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA	300
	ACATTTTCCTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTC ATTTTATTGG GGACCCAAAG	360
	ATTCCTGGTT GTTCATTCTT TAAATGCGTA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTTACA	420
40	GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT	480
	TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAACT CAACACTACA	540
45	AACCCACGAT CCTTATATTT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTTCAATTG TTCGCTATAT	600
	ATACATTCTG TTGCAGTATT AACAACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA	660
	TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTTCTATT ATTCATAAGA	720
50	CACCCCTACA CAGCCTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTT TGATAAAATA	780
	AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTC GAGCACACGA	840
55	TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTCACC	900

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTTAAAAAGA CAATTAGACC 1020  
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080  
 5 GATCTAACAA TTTAAAATTC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140  
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGTkTATT AAGCCCTCCT TTATChTATT AAATATCCTT 1200  
 10 ATAACCCTTT TAAAATTAAA CTGACACACT CATACATTGT TACAC 1245

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTTCA TTTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTTnGTG CTTATATTTT 60  
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCA TCATGTGATA 120  
 25 ACTTTTTTCAA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTTG 180  
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTTGTTTA AAATCTTATC TTTTGGAAAA ATTCGATTCC 240  
 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300  
 30 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360  
 CTTCACTTAr AAAAACGCCA TCAACATCAA ATAAAATTTT CTTCACAATC CCCACTCCAT 420  
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATTCTAC TATTTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCTATT 480  
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTTnAAAT TTTATAAATG TnTTTCAATT TCATCAGCAA 540  
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600  
 40 CAACTGCACC GCGTTTTTTA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTTAACTCTA 660  
 GACGCAACCT TGTGACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAAACCTT 720  
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780  
 45 CAATATTATC TTTTACAACT GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840  
 TCAAGTTAAA TACTTGGATT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAATACAA 900  
 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960  
 50 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020  
 ATAAAGATAA TCCTGTTAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG 1200  
 CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC 1260  
 5 CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA 1320  
 ACCAGAACAC ACTATTCAGT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA 1380  
 CACCATATAT GAAAGCTCC 1399

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 1329 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

TATAGTTnTA TTATTAGCG AAGCATTAAT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG 60  
 CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTGTT 120  
 25 AATTAATGAC TGCGCAACCT TAAAACTAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC 180  
 AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA 240  
 AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA 300  
 30 TATCTCTTTC GATTGTATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC 360  
 CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAC GGTGTGCGTC 420  
 35 CAATAATTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTGCGAA 480  
 TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTAAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT 540  
 GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT 600  
 40 AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA 660  
 CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT 720  
 TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTTT CATTAATTTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA 780  
 45 TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTAT CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG 840  
 GGACAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA 900  
 50 CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT 960  
 TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGTATTG CAATAAACCA GTATTGAATA 1020  
 CCTTTTCATT GTATCATGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA 1080

55

TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCGGTCTG ATGGAAAATT 1200  
 TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTGTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC 1260  
 5 ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTGA TCATTTATTG GATATTAACA 1320  
 ATTTTACG 1329

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3421 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG 60  
 TTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT 120  
 GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA 180  
 25 TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA 240  
 AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC 300  
 AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC 360  
 30 AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCACT 420  
 ATTCTGTATA ATGATTCTC CTAAACCTCG CATAACATA AATAACATA ATCCTATAAT 480  
 GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA 540  
 35 TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC 600  
 CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC 660  
 TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAAATGTG TAAAATTCCA TGTTAATATA 720  
 CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCTAT TGTAAAATTC 780  
 ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT 840  
 45 TTACATAGAT TTACAAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTtTTTATA TTTCAAAAC 900  
 GAAATGCGTT TAcTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTCAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA 960  
 ATTTATCaTA GCmGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGCmGCGG AGACTAAAAT 1020  
 50 AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA 1080  
 AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA 1140

	TACACATTTT GAGGAGTATG TTACAGATCA CGTGCAATCCA ATGACAGCAT TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT ATTGCACATT TCGATCCTGA TGCTGAAAAT GAATCAGATG AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA ATGCGTATAC AGGCTAAAGT AGCATCATTG GTTACAGCGT TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT AAAGAACCAC TTAAGCCTAA TCCTGACTTA AGTTATGCCG CAAACTTCCT	1440
	ATATATGTTA CGTGGGGAAT TACCAACAGA TATAGAAGTA GAAGCCTTCA ATAAAGCACT	1500
10	TATTTTACAC GCTGATCATG AGTTGAACGC ATCTGCATTT ACGGCACGTT GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA GATATGTACT CAGGTATTGT AGCAGCCGTA GtTCTCTGAA AGGGCCATTA	1620
	CATGGTGGTG CAAACGAACA AGTTATGACG ATGTTATCTG aGATTGGGTC AaTTGAAAAT	1680
15	GTTGATGCTT ACTTAGATGA AAAATTTGCT AATAAAGrTA AAGTAATGGG cTTCCGGTCAT	1740
	CGTGTATATA AAGATGGTGm tCCTAGaGCG AAaTATTTaA GaGAAaTGAG CCGTCAaATT	1800
20	mCGAAAGACG CTGGTCGTGA AGAATTATTT GAAaTGTCAG TGAAAaTGGA AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA AAGGATTAAT TCCTAATGTT GATTTTTATA GTGCGAGTGT TTATCACTGT	1920
	ATGGAAATAC CTCATGACTT ATTCACGCCA ATCTTTGCTG TAAGTCGTTT TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA TTTTAGAACA ATATAAAGAT AATAGAATTA TGCGTCCTAG AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA CGAATCGTAA GTATATCCCG CTTGrAGaAA GAAAmTAATC AATACAAATT	2100
	AAAAATGAAG ATGTAAAATT TGGAGGTAAA ATAACATGA CTGCAGAAAA AATTACTCAA	2160
30	GGAAGTGAAG GATTAAACGT ACCTAATGAA CCAATTATCC CATTTATTAT CGGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG ATATTTGGAA GGCAGCAAGC CGAGTTATAG ATGCTGctGT TGAGAAAaSCC	2280
35	TATAATGGCG AAAAACGCaT TGAATGGAAA GAAGTGCTAG CTGGCCAAAA AGCATTGAT	2340
	ACAACTGGTG AATGGTTACC TCAAGAAACA CTTGATACAA TTAAAGAATA TTTAATTGCT	2400
	GTAAAGGAC CTTTAACAAC ACCAATTGGT GGTGGTATTA GATCATTAAA TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT TAGATTTATT TACTTGCTTA AGACCGGTAC GTTGGTTTAA AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA AACGTCCACA AGATGTTGAT ATGGTTATTT TCCGTGAAAA TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG GTATTGAATT TAAAGAAGGT ACAACAGAAG TTAAAAAGGT AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG AAATGGGTGC GACAAACATT CGATTCCCAG AACTTCAGG TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT CTAAAGAAGG AACTGAGCGA TTAGTTAGAG CAGCTATACA ATATGCTATC	2760
50	GATAATAACC GTAAATCAGT TACTTTAGTT CATAAAGGTA ATATTATGAA ATTTACAGAA	2820
	GGCTCATTTA AGCAGTGGGG TTACGATTTA GCATTATCTG AATTTGGTGA TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC AATATGACGA AATTGTTGAA AATGAAGGCA GAGATGCTGC TAATGCTGCT	2940

55

TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT 3060  
 GGTGACTATA TTTCAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGC GCCAGGT 3120  
 5 GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA 3180  
 AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG 3240  
 TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA 3300  
 10 ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT 3360  
 TCTACATCAG CATTTCGAGA TGAATTGATT GnAAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG 3420  
 15 G 3421

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3173 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

CCCTnGATAC CCAAAC TGCC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTTAT 60  
 TTTCCAATAA ATAA nCCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmCA 120  
 30 TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA 180  
 AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA 240  
 35 AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAAACTGC CAAAATGGTT AAAATCGCAG 300  
 CAATGACACT AATTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA 360  
 TAAACAACTT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA 420  
 40 TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAT ATCAAATAAT 480  
 CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTAA GTCATCGGAC 540  
 ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA 600  
 45 TCAGTCACTC TTTCATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT 660  
 GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA 720  
 ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT 780  
 50 TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTTAAATGT TGGAGATTG CTTTATCATC CTCAATAATT 840  
 TGTAATGCTT TTATTTGTTG AATCGGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA 900

	ATTTTGTCAA ACTCACAAAT CGTTTCAGCA CCACTAATAT GAACATCTTG ATTGCTAGAA	1020
	CGCATTTTTTA TACTATACAT GACGATCACC TcAATCTTCT TGaTGCAAAA TTTCAAACAA	1080
5	CCTATCTATA TCTTGTTTcAG TATGAAAATA CGACAATGAT ATTCTTAACA TTGGCTTAGT	1140
	CACAGTtGGA TACCTTAAAT AACTTGTAaa CACATGATGC TTTAATAATG TTTGATGAAT	1200
10	GTTCTCAGCC GCTTCTATGT CATCAAACtC AATAAACTTA ATCGGCGAGT TTGaACTATT	1260
	ATAATkAACA TTGAGTGCTT TTAACtTTTG GTTAAAATAT TTAaCTCAAAC TATTTAATTT	1320
	AGTGCGTCTA TCATCAGCAT TTATTAACtT TTCAATGTTT CTTTTTATAA AATACAAATT	1380
15	ATAAATTGGC AAaCTACTTG AGTAGATGAG TGGTCTACCG TGATTAATTA aCATATCCtT	1440
	CaCATCaTTT GaACTkaAAA TcACACCCCC GTATGCACCA CATGCTTTAG ATAAACTAGA	1500
	AGTGAGTATA TCTACACCTT GATAATTcGA GTAAtTCTCT ATtCCAAAAC TATGTGAAAC	1560
20	ATCGAGTATC AGTGTTCGCT TAnATTtATG CTTTAATGAG ACTAATTGAC CAATATCCAC	1620
	AACGTCGCCA TTCGTTGAAA ATACACTATC AGATATGATT ATTTTTGGTA TATTTTGATT	1680
	AGGGTATTTTc TCTAACCTTT TTTCTAAATC AGCAATATCT AAATGCTTAT ATATCACTTT	1740
25	TTCTAAACCA CTAAACTTAA TACCGTCAAT AATACTCGCA TGATTTTCTT GATCTGAAAA	1800
	CACGACACAA TTTGTATTTT TGAAAATATT AAATAACGCC AAATTAGCAT CATAACCACT	1860
30	ATTTAAGATA GTACATGcAC TATATCCGAG CCAACCTGCT AACATTGTTT CAATTTCCTC	1920
	ATAAGCTGTC GAaCTTCCAC TAATTAATCT TGAaCTTGAT AAGTGATAAC TATACTTCCG	1980
	CATAAATCTT TCGAAATCAT CCTTATCAAA CGCTATTTGA CCTAATCCTA AATAATCATT	2040
35	AGATGTATAG TTCGTACATC TCTTATTTTc TACTTCAATA TACTGTCTAT CTATATACCC	2100
	TACCGATTTA AGCGACCGAT ATAACCCTTT CTGTTGTAAT AAATCAATTT GCTCTTGAAA	2160
	CTTCATTCTT GTTTTCTTA TTTTCAcAAG TGTCATAATC AATTTCAAG CCTAAATCAT	2220
40	TAATCATATC GTAGTCTAAT TGGTTCGGTT GCCCACCAGT AATTAGATAA TnCACCGACA	2280
	AATATTGAAT TCGCCGCTTT TAATGCTAAT GGCTGTAACG AACGTAAGTT GACCTCTCTT	2340
	CCTCCAGCAA TACGAATTTc TTTcGTAGGA TTGATTAATC GGAATAATGC TACGATTCTT	2400
45	AAACATTTCA TTGGTGTTAA ATCATCCATG CTTCCAAACT TTGTGCCTTT GATTGGATGC	2460
	AAAAAATTAA TCGGAATACT GTCGGCATCC ATTTCTTTTA AAGCAAATGC CATATCAACA	2520
50	ATATCTTGAT TAGATTCTCC CATACCACAA ATCACGCCAG AACATGGTGA TATATTATTC	2580
	GCTTTCATTA GTTCTATCGT ATCTGTTCTA TCTTTATAAC TATGCGTTGT CACGACGTTA	2640
	TCATGGTAAT TTTCACTTGT ATTAATATTG TGTTTATATC TGTCTACACC AGCTGACTTA	2700

TGTTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT 2820  
 CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT 2880  
 5 CCATCGATAA TTTGTTCCCTC TGGAATTAAA GCATATCGCT GTTTTTGTTT AATATCTCGT 2940  
 GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAATCATG 3000  
 TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAA 3060  
 10 TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATTTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT 3120  
 tCCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAACAC TTCCTATCTA AAA 3173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1694 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25 CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA 60  
 CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT 120  
 nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA 180  
 30 GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCCCAAT AAATATGAAT 240  
 GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT 300  
 35 CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA 360  
 AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTTGGTA AATCTATCAT 420  
 TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT 480  
 40 AATACGGTGT AAACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG 540  
 TGTTGTTTTsA ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG 600  
 TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT 660  
 45 CTTyATAGCA TCGTTTAAct GGCTTTCTCT ATCACCaTa TTACTACCTA AycCTAAGTA 720  
 TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA 780  
 ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA 840  
 50 TTTATACGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAACGGC CTTACCTTCC 900  
 ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA 960

ATTTTCATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAG 1080  
 ATTGTGTCTT GCATTTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT 1140  
 5 CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT 1200  
 AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT 1260  
 GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG 1320  
 10 TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCAATTTCT AGTTTITAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG 1380  
 CCAAATTTTA TTTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA 1440  
 TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAAAAT 1500  
 15 AATTTCCGCG TCATATTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCGCCcAT 1560  
 tGATCATTAA TCATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT 1620  
 20 GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCANAAACC GACAATAGCT TCANCAACAG TAATACTCTG 1680  
 TTCCATCTCT TCTG 1694

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1358 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

35 AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA 60  
 CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGTT CAGATTTGTA CTTATTATCA 120  
 TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA 180  
 40 CAAACGTCAC GTAAATTCGC TAAGTTATCA ATGGATTCTGA CATCTACTTC TGCATATTTA 240  
 AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC 300  
 AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA 360  
 45 AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTCGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT 420  
 TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTCGCAGG ATCTAAATTG 480  
 GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA 540  
 50 ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TGCGGTCGGT GATTTAAATG TTCTATCATG 600  
 CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA 660

TCTTGTA AAA CTGTACCAAC AACATTAGAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTTCATCT 780  
 TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG 840  
 5 TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT 900  
 TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT 960  
 TGAAAAC TAA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT 1020  
 10 ATATTCATTT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT 1080  
 AATTTGAGAT GAaGCATATG CTTTAAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT 1140  
 ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTTG TGT ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT 1200  
 15 CAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTGCGAA TAATTTGACC 1260  
 GATATTAAAA TAAACCATCG ATTCCTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG 1320  
 20 TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCAGAG 1358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 4557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTCAAT TGTCAACATT CCATAGTTAT CATGATTTAG 60  
 35 AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC 120  
 CACATATGAC ATTGAGAnGG CAAAACATTA GAGGATTTGT TTACAATCAA CGAACGCGTG 180  
 ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGctGaACG 240  
 40 CAGCAGAAGT AATGAGCAAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTCa TTACAGATAT 300  
 GTCATTAATT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTTAT CAGAATATGG 360  
 TATTTCAITTA ATCTTTGTTG AAGATGtGAT TGaAAGTTTG CCAGAGCATG TAGATACCAT 420  
 45 TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGGCGA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA 480  
 ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGrTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT 540  
 GGCGAATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTTTT 600  
 50 AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA 660  
 CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTTT AGGTGTAAGA GGTAAAGATG ATATTTTATC 720

55

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATA CAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TCGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGGAGAGC ATGATGTTAA	1020
10	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
	TTTATTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
15	ACAAAAACCA TCGGGTGTG TTGATGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CCaGgTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAaT AATGAmATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAAGTGA TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAaCa GATTTcAGAA AATTATGGTc	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
35	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTCTGA TTTCGGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTc ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCTGA GCATTTGTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAaC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520

55

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAAATATGC GATTTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAAGA TTCACCTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAACTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCGG CATTCTATAA	3000
	GAATTAATAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
15	AGTATAGGTA TTCGTATTTT AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTAAAGATA TTAAAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCACTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAA GGACGTACAA ACTGCAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAAGTGTTA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAGAAA TTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CCAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAA GTTCAAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAACTTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGGTTT AAAAATAATG GGTTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440  
 TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTTATGAA CAAAATGATT TGTATTTCAT 4500  
 TCGATACCCA TTAAAAGATA AAGTGCTGAA TGTTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3931 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTG TAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTTA 60  
 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120  
 TTACTTGCGG TAAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180  
 CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTTCTTCAG CAATTTCTAC AATTTCTAGT 240  
 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300  
 ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360  
 GaTTGGTTTA AACGTAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420  
 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480  
 GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540  
 TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600  
 GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACAACGCCG 660  
 TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720  
 GTCAAGCTTT AAACCTATCT AAAGCTGAAT CTAATATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780  
 GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840  
 AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTTACTTCT GGTATGGGTG 900  
 GCGGAAGTGG TACTGGTGCA GCACCAGTCG TTGCTAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960  
 TAACTGTTGG TGTTGTAAC CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAACTCAAG 1020  
 CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080  
 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATTT AAAGAAGCTG 1140  
 ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

	GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT	1320
	CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG	1380
5	GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG	1440
	ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG	1500
	TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG	1560
10	GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT	1620
	CATTCAC TTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA	1680
15	CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA	1740
	GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA	1800
	ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGaACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC	1860
20	aAAGTTATTA AAAGTGTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaAAAATTA TTTGCGCAAC	1920
	ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA	1980
	AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG	2040
25	CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACTAGA	2100
	GGAGATGGTT TAAGTGA CTA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT	2160
	CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA	2220
30	AAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGTAT TACAAAGGAT	2280
	GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TGCGATGTAC	2340
35	ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT	2400
	TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT	2460
	GAAATTGTA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT	2520
40	ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAA TAAATTTGAA	2580
	ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT	2640
	GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCTCTAA AGAAAATATT	2700
45	TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA	2760
	AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTC ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT	2820
	GTTTGCGTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA	2880
50	AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC	2940
	GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT	3000
55		

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120  
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180  
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240  
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300  
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360  
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420  
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480  
 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540  
 15 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600  
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660  
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720  
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAAACAATG CATCACAAGA 3780  
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840  
 25 TGAGCTTAAA AACCGCCGTG CGACACTTGT CAATTTACAA CGTaTTGATA AAGTATCAGC 3900  
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

40 AATTGTCGGG GGA CTCTTAG GTTTTGT CAT GCAAAGAACA AGATTTTGTT TAACAGGTGG 60  
 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120  
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180  
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240  
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300  
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360  
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420  
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTA ACTATA ATCACCATT TTTAGTTGT 480

	AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT	600
	TGGACTTATC GCACTCTTAG CTTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT	660
5	AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTTG ATTACAGGTG AACTTAAATT	720
	TATTGATTGG GGTGCTTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTCATATA TTGCAGCTAG	780
	AGGATCAAGA GAATTTAAAT GCGGATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT	840
10	TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGCCTC AGTTGCTGGT GGTGTTCTA TCGGTAACGG	900
	TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGACTTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT gCGATGATAG	960
	TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGCC AATGAAAAAA GTACACCAAC	1020
15	AATCTGCAAA GGTTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT	1080
	TGATCAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT	1140
20	AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC	1200
	TGGAGATGAA TTAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG	1260
	GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTTCATGGAC	1320
25	AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA	1380
	TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTTAG TTCATGAAAT	1440
	CATTTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT	1500
30	TGCTTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA	1560
	CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG	1620
	TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT	1680
35	GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTGG	1740
	GAATGGGAAT TTATGGTTTC GAAATTGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTTCG	1800
40	GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTCGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT	1860
	GTTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT	1920
	TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG	1980
45	GGTTTGGGGC GCGGTTGGA TTAACAACT CGGTGTATTA GATTTGCTG GAGGTACGGT	2040
	TGTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA	2100
	CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGAATGGCG GTATATTCGT	2160
50	GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT	2220
	GCTTGCATTT ACAAATACTG TCATTTTCAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT	2280
55		

ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC 2400  
 TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA 2460  
 5 TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT 2520  
 AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTTATAC 2580  
 10 TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTTTAG 2640  
 TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC 2700  
 GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA 2760  
 15 AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT 2820  
 TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTTGGGACA TTTTGTTATA CAAAAGTTTT 2880  
 ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT 2940  
 20 AAAATAAGGC TAAGTGTACAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT 3000  
 ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACAGTATCTA GATTTTTTAA TAATGGATCT 3060  
 GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG 3120  
 25 AATCAATTTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA 3150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3719 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG 60  
 40 ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG 120  
 CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAAAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA 180  
 45 ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT 240  
 TATACATCTC GTTTTTTAAAT GACAATTTAT CCCC GTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA 300  
 ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC 360  
 50 GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC 420  
 TAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTTT 480  
 ATTAATTAAT TGTA AAAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTTAATATT AAAATTAACT 540

	ATCGTTTCAA	TATTACTTAT	AGGGATGGCT	ATCAGTAATG	TTTCGAAAGG	GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT	TCTATTTTCGC	TACTAGTTGT	TTAGTGTTAa	CTTTAGTTGT	AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT	CAGCAAATGC	ATCACAAACA	GATAATGGCG	TAAATAGAAG	TGGTTCTGAA	780
	GATCCAACAG	TATATAGTGC	AcTThCAACT	AAAAAATTAC	ATAAAGAACC	TGCGACATTA	840
10	ATTAAAGCGA	TTGATGGTGA	TACGGTTAAA	TTAATGTACA	AAGGTCAACC	AATGACATTC	900
	AGACTATTAT	TGGTTGATAC	ACCTGAAACA	AAGCATCCTA	AAAAAGGTGT	AGAGAAATAT	960
	GGTCCTGAAG	CAAGTGCATT	TACGAAAAAA	ATGGTAGAAA	ATGCAAAGAA	AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA	AAGGTCAAAG	AACTGATAAA	TATGGACGTG	GCTTAGCGTA	TATTTATGCT	1080
	GATGGA AAAA	TGGTAAACGA	AGCTTTTAGTT	CGTCAAGGCT	TGGCTAAAGT	TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA	ACAATACACA	TGAACAACTT	TTAAGAAAAA	GTGAAGCACA	AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA	ATATTTGGAG	CGAAGACAAC	GCTGATTCAG	GTCAATAATG	CTCATTGTAA	1260
	AAGTGTCACT	GCTGCTAGTG	GCACTTTTAT	AATTTTTAGA	TCACGATATG	ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAAT	TAAAAAAGTA	AATAGTATCA	AAAGTAAGTG	TATTTAATAT	TAGAAAATAA	1380
25	AAATTTTAAA	TTTAGTATTA	AAATGGAATG	TTACTATATA	GTTCAATGTG	TATTATCACA	1440
	GAAAAATAAAA	TAATGCTTTA	CTTCTATATT	TAAAAGTGTA	TAATGAAAGT	TAAGTAATAA	1500
	AGAGCGTGAA	GAAAAATGTG	AGTTATTTAT	ATAGAATATT	CTCCTTTTCA	TTTATGAATT	1560
30	TGTTACAAAA	TATTTAGTGC	AAAAGCACGA	cGGAGGTATT	CAATATGaAT	AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT	TAATGCAGAA	AAAGGTTTTG	GTTTCATCGa	AAGAGAAGAT	GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA	CTTctCAGCA	ATCGCTGAAG	ATGGATACAA	ATCATTAGAA	GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT	CGACATCGTT	GAAGGCGACC	GTGGCGAGCA	AGCTGCAAAC	GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA	ACTTATTCAA	ACAGTCCTTA	CTATAGGGCT	GTTTTTTTAT	GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT	GGTGTGGTAA	AAGCACTAGC	CGTTATTTTT	TTGTCCAATA	AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC	AATATATAAT	GGTTCTAAAA	TAAATCGAAC	TGATGAAAAA	GTTTTTTTACT	1980
	TTTCATCTGT	CCGACTTTTG	ATTTTGAATA	TAAAAAAGCG	CCAATACAGA	ACTTTAATAA	2040
45	TGACGAGAAT	TAAAGTCTGT	ATATGGCGAT	AACAAGAAGT	AATGTTAAAC	ACTCAAAATG	2100
	TTTAACAATA	ATAGGATACC	ACATCGCATA	ATATCTTACT	ACTTAATTAA	TAATTTAACT	2160
	AATCAACTTT	TTGTTAATTT	TTTATTAAGA	CTGATTAATT	ATTGAGAATA	TTTATTGTTT	2220
50	TTAAATCTC	ATAATAATTC	AGTAATCTTG	TTTTCATTTA	AAAGGCGAAA	CATTAAAATA	2280
	ATTAAATAAA	AATATTGCGT	TTAATTTACA	GCGTCAAATA	TACTTATTTT	TAATGCTTTG	2340
55							

ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT 2460  
 TCCGCTTGTT GTATTAAAAA AGGTTTGTGA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCACTCATG 2520  
 5 TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT 2580  
 TCAACCAAAA TTTTGTTCGA ATTCAATAAA TGTCTTGTTT AAAATAGAAA TATTGTAAAT 2640  
 GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAATTT GGCAGTTAGT 2700  
 10 TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCATCTT TAGCATCGCC 2760  
 AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTCGAA CGTTCAATAT ATAATTTGTA 2820  
 AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAAATAT TGGGCCTCCT 2880  
 15 GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAATAAT TTAATATTT 2940  
 GATGAACTG TGTTAATAAG CTTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAAATTATC 3000  
 20 TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC 3060  
 ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTT TGCTGTTCAA 3120  
 ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTGT ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC 3180  
 25 CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTTGCC 3240  
 ACTTGCATAA TTATATTTAA AAGATTGCA GATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCC 3300  
 CTCAATTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA 3360  
 30 CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG 3420  
 AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC 3480  
 GAATAATATA AGTAAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTTGA 3540  
 35 AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGtAAGACTA 3600  
 AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG 3660  
 40 TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTCATT TATAGCACA 3719

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1676 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60

	CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC	180
	ATAGCCACCT GCTGTCGGAA GATCATCTCC CGGCTTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT	240
5	CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACTTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC	300
	ATTTGTCCAT TCAGGTATTC TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA	360
	TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT	420
10	ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTTAAATGT	480
	ATAAATTGAG TTCGGtACTT CCTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT	540
	CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTTGCT ATTAATAACT CCCTACCAGT	600
15	TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT	660
	TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCATATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTCG GCTCATTACC	720
20	ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA	780
	TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA	840
	ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCCT	900
25	ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAaC ATgaCTTACG	960
	TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT	1020
	TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG	1080
30	TTTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCAT	1140
	TGATTTACTT TTTCTGTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA	1200
35	CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTCC CGCCATCTAA AATCACACCA	1260
	TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA	1320
	ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT	1380
40	CCGTAAAATT TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA	1440
	TTTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA	1500
	GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCCACCT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT	1560
45	TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGCAGTT	1620
	CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC	1676

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1294 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAC CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60  
 TGTGTTCCAA ATTGATGGT AATTCATTG TAGTTCCGTT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120  
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180  
 TTCTTCTGCT AAAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240  
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300  
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360  
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420  
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAAATCGTC ATAGAACCTT TAGGTAATAA 480  
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG ATACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540  
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600  
 GACTACAGTT GCAAAACTA GTGCCATTGA CATTAAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660  
 25 TAATTTTGTT CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720  
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAATC AACTTGATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780  
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840  
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900  
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGGC ATAATGACAT AGATATATTG 960  
 35 ATAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020  
 TGTTTAAATT ATTGATTGTC ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTCTG TTGTTTCATAC 1080  
 GCGAGCTTTT CAGCATTCTG TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATAaAAA TATnAACCaG 1140  
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGtT TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200  
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTTAAATTTA 1260  
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTTC AAAT 1294

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 1935 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAACACG TTTTATTTT TTCATTGTTA TAACCTTCTT	60
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTATTTA GTAGTTAATA	240
	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTCTCAT	300
10	ACAATTTACT ATAAATagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC ACACTACTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420
15	AAGAATCAnA ATTATGTTTA nATAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480
	ACAACTTTTA GTGAAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAACT	540
	GAAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAAT TATTTAACAG ATTTATTCGA CAAGTACGAT	600
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTTGATGC AGGAAATCAA	720
	GATAATTGGT CATATCCCC TTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780
25	GGCACTACAG ATATGAAAGG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840
	GAACAAAATG AATTGCCTCA TGGAACGATT AGATTACTGG CTACTGCTGG CGAAGAGAAA	900
30	GAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960
	ATTATTGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTTATTGG TGACAATGCA	1080
35	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTTAAAGAAA AATATTCAGA GCTTAAACAA	1140
	CAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200
	ATTTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260
40	GGCGGcAAAC AATTTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320
	GTTCTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380
45	GATAGCAATA AGCTTTCCT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440
	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTTCTTAGG AGATAATAAG	1560
50	GACAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620
	GAATATATTG AAAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCCATT	1680
55	CAATATTTAA AAGAAAAATA AGAACGATGC TGTCAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860  
 GATTGTGCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920  
 5 AAACCTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1351 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCCTA AACAATTTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60  
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120  
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180  
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240  
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTTAACG 300  
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCAGT AGATACAGTG 360  
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420  
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480  
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540  
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTCGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600  
 ACAACACCTT ACGATTTAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660  
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTTGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720  
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780  
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATTGC CAATGTCTTT 840  
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900  
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAACTA 960  
 TTTAAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020  
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATATT GATTTAAGTA TTATTTCATA 1080  
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTTGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATTTT 1140  
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATTTT 1200

GAGTCACTTC TCATTTGTTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320  
 ATTTGATCAT GCATTTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 411 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60  
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTTGTAGT TGTAATTCG 120  
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTCG 180  
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAATCCTTA ATTGTTATTT 240  
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300  
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360  
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1639 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60  
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120  
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180  
 TTTATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240  
 TCATTGCTAT TATTAAAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTACTTATTA TCAGGCTACA 300  
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360  
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420  
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600  
ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660  
5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720  
GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTTGCTA ATATACGGTT TGTtTATCAG 780  
10 CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840  
TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900  
ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960  
15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020  
TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAAATT ATTTAATGAA 1080  
GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140  
20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTtAAAACAA AAAACCCATG ATTTCGAAAT TCCCGTATGA 1200  
TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTC 1260  
AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320  
25 ATTGGCATTa CATAACGCTT CCAAACATAT TATTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380  
AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTtAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440  
30 TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTTCTA TTACTTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500  
TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTtAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560  
ATCCATTTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTC 1620  
35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40 (A) LENGTH: 1816 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAAGTA TATTGAAAAA 60  
50 CCAAGCGCAC CCATTAAATA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120  
TCCGAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180  
55 AGTAATCCAT ACTGATTTGT TGTCATACCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACAGATAT 240

TTCTyTATTT GTAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360  
 AATTnATnAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420  
 5 TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480  
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAAAATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540  
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600  
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT 660  
 CTACTTTTTTC AAAC TCAAAT TGTTCCTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720  
 15 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780  
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT 840  
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAAC TTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900  
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960  
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTT CAGTTG 1020  
 AACCAACTTG CACTTGATT TCAACATTAG GAAATGGGC ATTATATAGG CTCAAAACTT 1080  
 25 CAGGAAGTAA GGTGTGTTCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACTT 1140  
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200  
 30 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260  
 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTT TAGTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320  
 ATATATATAA AATTT CAGCC GCTTTACGTA ACGTTTTCGT TTCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380  
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAAC TTTCA 1440  
 TGGCTACAAG CATT CATGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500  
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTGTTGGT GATTTT TAGT TTGATTATAT 1560  
 40 TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTT TGATGA 1620  
 TTTTTTTGAG CCTTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680  
 45 TTAAATCAT TTTCTAACTC TGCCATAATT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740  
 TGCTTTTTTG TAATTTGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800  
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 9956 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAkTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAA TAATAATGAT CATTAAAGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
20	CAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
	TCCCATATCT ATATTTTTAA GCCATTCTTG ATTTGTCACT ACACTGTAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTTT ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAGGCGT ATCAATAGAG TTATTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATTa CATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
35	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCCT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCAATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
40	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCATTTCGC AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
	TTACGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTC ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAAC CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTTAAATATG CTTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
50	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCG GATTCAACTA	1500
	ATTGAGAACG TGTTGTTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
55	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAAACTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620

	TTTCAGCTTC	GATTTACCT	TTCGTTCTTT	TCATATCACT	AACTCCAATA	ATATTAAAT	1740
	TGATTACTTC	ATCTTTGTAT	CGTTATCACG	ACATCAACTA	TTACATTAAG	TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT	TTAAGAAGCT	AGAACATTGT	AGATATGATG	ATATATTAGT	TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT	CATCGTTAAA	TCCAACTTTT	AAAACGCCCT	TCCTCATTA	CGCTCATTA	1920
	ACGCAGCCAA	TGATTAGACA	CCTTCCTAGC	GAAATGCTCA	TTATTCGCGA	GTAGTCTTGC	1980
10	TACAACATAG	TCGGGTGCCT	GAATAACGAC	AAGTAAACGA	ATTGGCGAAT	GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA	GCCATAACAG	ATTGCCATGA	TAAGCCATAC	ATCAGATCAC	TCGCATTACC	2100
	TTGCATGACA	CCAACACCTG	ACGTGACGGT	TTGTGTCGCT	TTATTCCCAC	TTCCGTAAAA	2160
15	ATGCGGCGCA	ACTGTCGACG	CATAATATTG	TAAATTAATC	CATTGTGCCA	CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG	ATGGTATTTA	ATAATGTGCC	ATCTTTATCT	TTACGCCAAT	CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC	CGCCCTTCTA	AATCAATGCC	TTTTGTTAAT	TGGCGTCGTC	CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT	TTAGCCAATC	CCCATTCTGG	ACGTACCTCA	CTCCAATCAC	TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT	TCCACTGGAT	GATTCACACG	ACCAATCGTT	GGCAGTTTGT	CCAAACGTTT	2460
25	GCGATTGCG	TGTCAGAAA	TCATCGGCAT	CGCGTCATTC	AATGATTCAT	ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA	GATAATGTGT	CTGGCACATA	TACCCATGCC	AACGTATCAG	TAGACGTATG	2580
	ATGTTCTGCT	ACCGCAAAAA	CAGTTGTCTC	TGGAATATAC	ACACCTGATT	GTTTTAATCC	2640
30	TTGTCTGACA	TTTGGACGAT	TACATATCAT	CGCTAATAAC	TTAGCATTA	AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA	CAAGCCCCAC	ATTCAAGTGA	TGCATGATGT	GGATTATTGT	GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT	GCTAACACAA	CGAACGGCGC	AAATGCTTCG	GTTAAATCCA	TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC	GCGAAATCAA	TTTGCTCTTG	CTCAGTAAAT	CCAACAGGTA	AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC	TCACGATCAA	TCGTCAACTT	TGTTTCAGGC	TTTTTCAACC	ACTTTTGT	2940
40	TATTTTTTGT	AAAGACGCGC	GACTTTTTCT	AGGCATAATC	GAATTGACAA	TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT	GGCCCACTTA	ATTCAGGCAA	TAACAGACTA	GGCATGACAT	TATTTTTCAT	3060
	CAATTTAAAT	GTGTAAAACA	TCGATGACAT	TGTCTGTTGC	TGTTGTCGAT	AAACATTCAT	3120
45	ATCGTAGCGG	TCTGCAAATT	CTTTAATGCG	ATATGCCGGC	GGTACCATGA	CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG	AATTGTTTCGT	CTACGGCATC	TTTTTGAATA	GGTAATCCAA	AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC	GTTTCAAAGG	GCCCTGCTGC	TTCGATATGT	CTACGAAATG	GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA	CAAAATGCAA	TTTGCGCTTT	CGTTGATGTG	CCCATCTGAT	TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA	TCAACTGCTT	GTGTGTCATT	TAACAATACT	GAATGTGGCT	GATTAGCGTT	3420

	TGCTTTAATT TTTTGTTTTA ACTGAGATTC GTATGTCATT TCCCAGGCAA TTAGCCATAA	3540
	ATTTTTAAAT ACATTTTTAT TCATAGTTGC TGCAAAATGA ATAAACGTTT GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT TGTAGTAATA CATCGCTAGG CATATCACTG TAGTAACACC ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA AACCAATTTT CCGATCTACT TTCACAATCT TTAGCGACTG ACTTAAACTC	3720
10	ATCACCAACT AGCAATTGTT CGACAATAA CCGAATTGCC AAATAATCCG TTAACAAATG	3780
	TTGTTCAAAG TGATGCTGTT GTGAACGGTA ATACAACATA CCTGCCCAAC CCGGTAACGC	3840
	CAAAAGATGT CCTTCAACAT AAGCTTGGTA GTCTTCCTGA TCTATTGAAA AATGAGTTAA	3900
15	TACTGACTCT ATCGTCATT CAGGATCATT GGGTAAGCCT TTAATCACTT GGCCTGTGC	3960
	TTTAGTAAAA CTATGGTCAT GTTGCCTGTA ATGCAACCAT GCATGGTAAA AACTTTGCTC	4020
	ACGCTTCGGC ATTGTCCAAC TCGATAGAAA TTGATCGATA TAAAGTTTCG TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA TTCACTTGTT CGCTAAGTGG CTCACCTTGT TCATCTATTA TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT ACATCATAGT GATGATATGA TTCAGCCATA TCACGTTTTG ATTTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA GCAACAACAT CAACATTTGA ATGATTCATA TATGATGCAG GTACGTCTTT	4260
25	TAATGTTTTA ATGTTATCAA TATAAGATT GATGTAGTGT TGCGGGATAT TGTAGTGATG	4320
	TTCAAGTAAC ATATCAGTAA CAAGTTGATT AAAGACACTT TCATCTAATT CACCACGTGC	4380
30	CACAGCGCTT TCTATTAATG CTTTATTTGG GAAAATATCC ACATCTCGAA CATCACGTAA	4440
	CCATTTTGCG ACATCTTCAA ACGTATCCGC TTCTAATCCT TCCCATGGAT TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA ATTGGTGATA ATGGTGTAAT AACACGTTTC GCATTTTCAA TGACTGAATT	4560
35	GATATTTAAT TGTGTTGTCA TACCTTTCAC CTCCTATAAA TACTTCTTCA AATAATTCGG	4620
	ATGACTTTCT ATCGCTTTTCG AGCGTGCTTC ACCTAGATTA ACTAACCACA CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC TTAGAGTATC GATGCCGCGC CACCCAAATA CTTAATAAAC TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA AACTAATGA TGACACTCAC TGTAGGCGGC GTTGTCGCAT GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT ACAGCGTAAA AATAATTATG TGTGATGACG TAGATAAATG TCACGATTGC	4860
45	AATCAAAATC ATACCAACAA GACGTGCCAT GCGTCCTTTA CTAAAGGCTA CCATTTGATT	4920
	CCAAGATACA AGTAATGACC ATCCTAGAAT GAGTGCACCT AACACTTCAT ATGCACCTCT	4980
	GTCCTACTC ATCCAAAATA GAAATGCCAC GATAATAGCT AATACACGTC CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA GCGTCTTTAG CAGATGCTTG TTTTGAATA TTGAATCGCT TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT AAAAATAATG TTGCTTTAAA AATACCGTGC AATATTAAAT GAATAATCGC	5160
55	TGCTGAATAT ACACCCAATG CACATTGAAC TAACATAAAG CCCATTTGAC TCATCGTAGA	5220

	AGAAATACTA	GAAAGGATAA	GTAATAATGA	TAACGCAAAT	CCATTATCAA	ATATCGGCGC	5340
	AAAACGAGTT	AGAATAACAC	CACCTGCATT	CACAATTCCT	GCATGCATAA	TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT	GCCGTTACAG	ATTCAATCAA	CCATCGATGA	AAAGGAAATT	GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA	GCTAATACAA	GTAGTACATT	CGTCAACAAT	GACCATGTCTG	GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT	ACCCGCCACT	CGCCAGTCGC	AATATAAATA	GTTACAATTG	CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA	CCACATAAAA	ATGTCATGCT	TGATAATTTT	GCAGACTCAC	GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA	TTAACGTTCA	TCAGCAATGT	TAAACATAAT	AATGTAATAC	CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT	CTTAAGTCTT	CAGACATCCA	TGCTAAAGAT	GCAAACGACG	TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA	AAGTAATGTC	TATAATGATG	ATCACCTAGT	AAATATCGCA	TTGAAAACCTT	5820
	TTGAATAATA	AAGCCAAGCG	CCATTACAAA	GCCAGCTAAT	AACCAAGATA	AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA	CCTAAGACAT	GTTGACCATG	AATACCGAAA	AAGCCAATGA	CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG	ACTAGTATGT	ATAAATGTAA	TTTAATATAT	CTCATTGGCA	TAACTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC	AAGCCACTTA	TCAATGCAAT	GATAAGCGCA	ATAACAAACA	GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA	CTTAACACTG	CATAACCTCC	TTATTTCTAA	TCTCTCGCAT	AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAAT	AAAAACCTAC	AATAGTAGAT	TCTGTACATA	ATGGCAGAAA	ATTTACTATT	6180
	GCAGGTTTCA	GTTTAACTAG	ACACTGCATC	ACGGTACGTT	GATATACCTT	GTTGCAGTGT	6240
30	TCTCTTTAAG	CGTGCTCCCA	TGCACATATG	TATATAAAAT	GTTACTTCTG	TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT	AAATATGCTT	TGCCTAGACG	AGACCTAACG	TGTTATTCGT	TTTAAACTTA	6360
35	TAACATAAAA	TATAATTAAA	TTTCTGCTTC	ATGTCAAATT	CATGAGCTTA	ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT	TGTAAAGATT	TTGTAAATGC	ACCTGTACAG	TTAGGCAGTA	TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAATA	AAAAATTCGC	AGTTATGATC	ATAACAATTC	AAGTTAGGAA	AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG	ATAACTATGT	ACAATGAAGT	TAACTCATAA	GCAAAGGAGG	TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC	GCTGGCATCA	TTAAAGTTAT	CAAAAGCTTA	ATCGAACAAT	TCACTGGTAA	6660
	ATAAGATTTT	ATAACAAACA	AAGGAGGTCT	TTCACATGGG	TATCATTGCA	GGAATCATT	6720
45	AATTCATTAA	AGGATTAATT	GAGAAATTCA	CTGGTAAGTA	AGTTATAAAA	ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC	TTATTTGAAG	GGGGCCATTC	ACATGGAATT	CGTAGCAAAA	TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA	TTTACTTGGT	AAATTTTTAG	GTAACAACTA	ATCTCAAACA	TTAACGATCA	6900
	ACAACATCATC	ACTATGTTAA	ATCAACATAC	AGGAGGACAA	AACGATGGCT	ATTGTAGGTA	6960
	CTATCATTAA	AATCATCAAA	GCAATTATCG	ACATTTTCGC	AAAATAATTT	AAGCGAATTG	7020
55							

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTTGATAC TCGAGTTCTG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTGCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAAATATC AACTTTAGA	7560
	TAGATTGAAA AAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACTTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAAACAATTA AGCCACAATT CAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTTGTAA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
25	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCGCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAACTGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCTTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAAATCTAC	8220
	TTCAGAATTT GTTGCTTAA TAATTTTAGC AGTCGGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
40	TAACCTCGCT AGTTCTTCTT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTTGA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACGCG ATACGTCGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820

ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTACATA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940  
 TTTCGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTTACT 9000  
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060  
 TGTCAATTTTA GTTTTATATG TTACTGGTAT TGCATTTATT CTAATCAGTG TTTTGGTTC 9120  
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180  
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAATGCAG CGCTTTATGG 9240  
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300  
 15 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTAA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360  
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420  
 TCGATTCGGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TAAAAAGAA GCGGCCTAGT 9480  
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTAAGTTAG 9540  
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGTCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600  
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTTAAATTA GCTTTAAAAG ctTCGCAATG TTGCGCCATT 9660  
 25 TGTTCAATTA ATACTTTTTC TTCACCTTTT AATCCGTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720  
 TTATGTTTCA GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTTCTTTTT GCGCTTCCAT TTAGATATG 9780  
 30 AGATTAAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATT CTTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840  
 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900  
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTCC CATTCTTGCT TTCTGA 9956  
 35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2411 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

45 TTTCTTTTAA CAGaTTTATC cCATTAAATG TTCTACAAGC CCACGaTGAG CAATATCATT 60  
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CCGTGAACAA TACCTGGACG 120  
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTT AATTTGATAC ATTAAACCAT TAACTAATGT 180  
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240  
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300  
 55

	AACAACTTTA TCGTTTGCAA CGACTAAACC TGCTTTAATC CAATCTTGTA TCTGGTTACG	420
	AGACCAATCA TTATTTAATT CAGGCAGCAA CTTATCTACA CGCATACCTG TTTGTTCTTT	480
5	ATCTGTAATG TTAAATTCAT AAGTCTCCAT TACTTAACCT CCTTCTCCTT TTTATTGGAA	540
	GTATCCTTTA ATAAGGCAAT AATAATTAAT ATTACACCAA TTGTTAAACT TGAATCTGCG	600
10	ATATTAAATA TTGGAAAATC ATAACCAAAA ATATTTGTAT CAATAAAGTC AACAACTTCT	660
	CCTGTTAAAA TTCTATCAAT AAAGTTTCCA AGTGCACCTG CAAAAAGTAA ACTAATAGCA	720
	ACTTGCATAA ACAAATTATA TTGAGCATCT TTAATAAAGA AATATACTAA GGCTATTAAAT	780
15	ATAATAATGG TAATAATAAA GAAAAATGTC ATTTTCCAC TCAATATTCC CCATGcAGCA	840
	CCATTATTTT GATGTGaTGT TATGTTTAAA AAGTGC GGTA TCACTTCAAA TGAATCTCCA	900
	ATTTTCATTG TAGTAGCTAT AATATATTTA GTAACCTGGT CAAATATAAC GACAAATACT	960
20	GCTATTAAAA TGGAAGTGCC AATAAAATAT TTTTGTGCA TTTTCGTTCC TCCAATCAAT	1020
	CGTCCATGAG ACAACTCTTT ATATTATAGC TTACACCTGC TAATAAAAAA AGTAAGCATA	1080
	TTACATTAAA TCTAATGTTA CTAACCTCAAT ACTTGATAAA CTACTATGTT TTGACATTAA	1140
25	ATATGAACTT AATTATTCAT TTATCATATT TAAGATGACA TTAAAAATTA GGAAAGCAGG	1200
	CTGGAACATA AATCCCTAAA AAGACAGTAG TAAGATATTT TCTAATTAAA AATTATCTTA	1260
30	CTGCTGTTCT CTATTTATAC AATACTTCGT ATTGAATGGC TTCGCTATGC CCATCTGGCA	1320
	CATTACTGTA AAATTCTATA AATAGAATTT TTGATGATGG GTCCCTTCCT AGGGTGCCGT	1380
	CTCAGCCTCG GtCTTCGACT GGCAC TGCTC CCTCAGGAGT CTCGCCATTA ATACTACGTA	1440
35	TTAACATGTA ATTTTACTTT TAAATACTTT AAAAAAATAA GACATGAATC GTCTACACTT	1500
	AATTGGACAA ATTCTATGAG AATAGATATT GTTAATTTAA GAAAGTAGGC TATTTTGAGT	1560
	TtCACTCGAA TGTCAGTTCT AGGAATAAAT AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA	1620
40	ATGGCAATTA ATATAAGGAA AATAGCAGCT CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC	1680
	AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAATTAAT AGAAATCAGC TTTTACAT TGCCTAAGAA	1740
45	CTTAATGTCC CAAGCCCTAA AACTTGTTGT TATTTATTTG ATTTAGCAGC GATACGTTTA	1800
	TATCTTAAGT ACATAAATGC TAAAAGTATA AACCAAATCG GAATAAAATA AATTGCACGT	1860
	CTTGTATCAA CATTAAATAA TAATAACCCG AACACAAAAA TGAAGAATAC AAATATTAAG	1920
50	TAGCCCATAT ATTTGCCACC TAATAGTTTG TACGTAGCAT TTTTATGTAG ATCTGGGTTT	1980
	TTACGACTAT AATTGATATA TGCAATGATA ATCAGACCCC ATACAACTAA AAATAACACT	2040
55	GTAGAGATGG TAGTCACATA CGTAAATACT TTTGTGCGCAT CTGGGAAAAT ATAGTTTAGT	2100

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTyGTTGAC TTGATAAACC GaAAAGCATA 2220  
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTTAA TACTACAAAA 2280  
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCCA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340  
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400  
 TTnnATATTA A 2411

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TTnCATGGGT TTTTACTAGG AnTACCCAGA 60  
 AGGTCAAAAT ATTTTGTATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120  
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTT TTATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180  
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240  
 AATAGGTGTA GCGGGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300  
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCAACA 360  
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420  
 TGGTGTGTA TTTAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480  
 35 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540  
 GAGTGCATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600  
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TTAAACGAAC TAGGATTTAA 60

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180  
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240  
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGA TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300  
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360  
 ACAAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420  
 10 CATAAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCACG TATATAGTGA GTTTGTGCTT TCTTTTTATT 480  
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAAATTA ATTTTAGCGA TATCATTAC 540  
 15 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600  
 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGGTTT GTTAATGCAA 660  
 GCAATGAC 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 787 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

ATACAAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60  
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGA 120  
 35 CAAATTACAA AAATTTAACT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180  
 GTGAACAAGA TTAAATATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTTTATTTT AAAAATGGTG 240  
 GTAAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAAA ATTACACAGC AAACCTTAGTT CATGCGAAAG 300  
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360  
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420  
 CGAATAAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480  
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTGCGGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540  
 ATTTCAAAAA TGGAAGAGAA CAAGTAGTGA ATTTAAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600  
 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660  
 50 AAAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAAC 720  
 ATAGTTTCAA ATGAATTTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

```

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG      60
TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTCAC GGTAAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA      120
ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA      180
AACGACCTAC AGCATTAAAGT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT      240
TGTCATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAACAGA GGTCGGACAT TGATCATTTA      300
AGACTTTTAA TCCTTGTTtC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG      360
CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT      420
GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAAACGATG      480
GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT          534

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

```

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT      60
TAACGCATAT ACAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT      120
ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTTA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT      180
TGTGTAAGTT TTTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCArAA      240
ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT      300
AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTCGAGAAA      360
GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATTC AAATGTAAAA GTTGCTTATT TGCGTGGCTT      420
TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TGTAGAGAAC AATGAAATGA      480

```

	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGTTTGAAT	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAACAA	GATGACTGAA	GAATTCAATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
10	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCCTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAAAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACTTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTCGTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TAACTCAAT	TTGGTGCATT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACTTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
30	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTTGA	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTCTAG	TAAGATTGGC	AACTTTGGT	GCATTTGTTG	1620
35	AAATTGCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTAC	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAAATA	TAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCACTATCTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
45	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTAAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGcGa	2040
	tTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAG	2100
50	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
55	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTC	TTCAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTTATTATT TTTATGGTTA 2400  
 ACGTGCGTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AAATGGTCGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460  
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520  
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTATG 2580  
 GTCTTGGTGA CTTGTTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640  
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700  
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760  
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTTA ATCGATACTG 2820  
 15 CTGGTATGCG TAAAAAAGGA AAAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAGAG 2880  
 CTTTAAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940  
 20 TCATTGAACA AGATAAACGT GTTGCAGGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAA GCAGTCGTGA 3000  
 TTGTCGTAAA TAAATGGGAT ACTGTGGAAA AAGATAGTAA AACGATGAAG AAATTTGAAG 3060  
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTTAG ATTATGCACA AATTGCTTTT GTGTCTGCTA 3120  
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTCC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180  
 AAAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGTTGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240  
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCTTTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300  
 30 AACCACCGAC ATTTGTTGTA TTTGTTAATG ATGTAGAATT AATGcATTTT TCTTATAAAC 3360  
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTTGA AGkTACACCA ATTCATATTA 3420  
 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480  
 35 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGCAAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540  
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600  
 40 TATTTAAAAT ACGCGAAATT A 3621

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 643 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGAAAA TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGGCACC 60

AATGctTCTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA 180  
 ATGGCATTtTG TtACTACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAAACT TGGTACTGAT 240  
 5 ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG 300  
 AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG 360  
 10 ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT 420  
 GATGCACCAC CGATATTAAC CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC 480  
 ATCACTTGTC GTGTTGTGCC ACCCACATCT TTATTGTGA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT 540  
 15 GCATAATCTC CTTGTTCTTG CGTCAATTA CTGGGTGTCG TTGTTTAAAC TAACGTAGCG 600  
 ATATCTCCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTTCA AAG 643

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2524 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

TTTcAGGcYg TGcAAGGGCT TTTTCTTTTG CTTTtAAGAT TATGATTTAT CGTGcAAAGT 60  
 30 TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG 120  
 GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA 180  
 35 AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG 240  
 AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTGC AAGAGGTGTT GGTGATTCAA 300  
 CCGATGTCGT ACAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT 360  
 40 TAAGACCTGA GGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA 420  
 ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC 480  
 AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTTAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC 540  
 45 CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA 600  
 AACATTTAAA GCTTGTTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG 660  
 50 AAGCGTTAGT GAaACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TTGTTcAGAT TGTCAATCAC 720  
 GTTTGCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA 780  
 TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC 840

	GTGGATTGGA TTATTATACA CATAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG	960
	ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG	1020
5	ATGGTCCAAG TGAAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGACAC	1080
	TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAAACCTT AGATTTATTC ATTGTTACAA	1140
	TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA	1200
10	TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC	1260
	GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG	1320
15	ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT	1380
	ATTTTAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG	1440
	TTACTGAGGC ATTTTtagGA CAAGAAATTA CATTAAAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG	1500
20	ACCTTGGTGG ATtGATTTtC GTTGATTTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CmAGTCGTGT	1560
	TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG	1620
	TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCtTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA	1680
25	AAACTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAATAAA TCTGAGACAC	1740
	CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTCGA TTAAAATACC	1800
	GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAAATGAGA CATCAAATTA	1860
30	CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC	1920
	TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG	1980
35	GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG	2040
	GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC	2100
	GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAGACCAA GAAGATGTGA	2160
40	TGCAAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA	2220
	ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC	2280
	CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT	2340
45	TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG	2400
	GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGtaAACaTC	2460
50	ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTTAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA	2520
	ATGG	2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

(A) LENGTH: 1507 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAGTTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTGTC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
25	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAAACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATAACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
40	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
	GTTTGTGAAA TTTTGTGATA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TIAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAA GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1216 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC	GGATGCTACT	TTATTTAGTT	TGAAGGGTGC	ATTATGGACG	TTAGCGCAAG	60
AAGTTTATCA	AGAATGGTAT	TTAGGATCGA	AGTTGTATGA	AGATGTTGAA	AAGAAAATAG	120
CACGAACTAC	TTTAAAGACA	GGTTATATTT	ATCAAGAAAT	TATTTTGAGA	CCAGTAGATG	180
AAGTTAAGGT	ACTTCTGAAT	GATTTAAAAG	GTGCTGGTTT	CGAATTAGGT	ATTGCAACAG	240
GTCGTCCTTA	TACTGAGACT	GTTGTGCCAT	TTGAAAATTT	AGGATTGTTA	CCATATTTTG	300
AAGCTGATTT	TATTGCAACA	GCAAGTGATG	TTTTAGAAGC	AGAGAATATG	TATCCGCAAG	360
CACGACCATT	AGGAAAGCCG	AATCCTTTTA	GTTATATCGC	AGCTTTATAT	GGTAATAATC	420
GCGATAAATA	TGAATCTTAT	ATCAATAAGC	AAGATAACAT	TGTAAATAAA	GATGACGTAT	480
TTATAGTAGG	CGATTCGTTA	GCTGACTTAT	TAAGTGCTCA	AAAAATAGGT	GCAACGTTTA	540
TTGGAACATT	AACAGGTTTA	AAAGGTAAGG	ATGCTGCAGG	TGAGTTAGAA	GCGCATCATG	600
CCGACTATGT	TATTAATCAT	TTAGGTGAAC	TTAGAGGTGT	ACTAGATAAT	TTGTAATTTG	660
ATTGTTGTTT	GACAGCATAA	CTTGTAAGTA	ATGATTGAAC	CAAAGGTTTC	ATATTGAGTT	720
ACAATGAAAT	TAATAATGAA	AAAATGCCAA	GAAGCAATGG	AAGTAATCCA	ATGTCTTCTT	780
GGCATTTTGA	ATTTACATAA	ATTGTTTATG	ACTGTACCGT	CAATTCAGTT	GTGAAAATTT	840
GATTGTATTC	ACCAACTTGT	TTAAGTTCAT	CAATTATATT	GTTTGAAACA	GGTTGATCAA	900
CGGATAAAAT	CATTAGCGCA	TCTCCGCCCC	CTTCAGTTCT	ACCTAAAGTC	ATAGATGCAA	960
TGTTGATATT	GTATTTACCT	AACAATGCGC	CAGTTTTTCC	TACCATACCT	GGAGTATCAT	1020
TATGATATGA	CACAATTTGA	TATTGATTTG	GCTTTAAGTC	TACAGAAAAA	TTATTAATTC	1080
TAACAATTCT	TGGACCGAAA	CCTGTAAAGA	CAGAAGCGCC	AACTTTAACG	GAATCGCnAT	1140
CGnTTGATAG	TTCTACCTCT	AAGTAGTTAC	TAAAACCTGT	CTCTGCTTTA	TTATTTTCAA	1200
TATTTAATGT	CACTTG					1216

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 867 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

	ATCAAAATAT TTTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAAA TTTAATAGAA AATAAATTTG	60
10	ATCAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCAGT GGATTAGCTG	120
	GGATAGGGAG ATATTTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA	180
	AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCCAC	240
15	AAGAGTCA ATTTTATAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG	300
	GCCTTGACCA TGGAGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA	360
20	TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA	420
	AATTTTGTA CCACGAAAGA TGGTTCAGC GTTACGATT AATTTCTGAA CGTAATCATT	480
	TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAAAGACG ACGTTGTTTT	540
25	TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC	600
	AAGTAGTAA TGATAAAGAT GAAAATTTAA TAAGTCCAAC TATTTGTCAT GGATTGTCAT	660
	CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT	720
30	ATATCACTGT ATTAATAAAT AAAGTATTT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT	780
	TTATAGACAT TAATGAAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG	840
	AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT	867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 10813 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

45

	TACCTTTTCT TTTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGtTA ATCaATCctG	60
	ACATCctTGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTTCTAC ATTTTATGAA	120
50	AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTCAATTACA GTTACTTTTA	180
	TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTTA TCATAATTAA CGTTGAATAA	240
	AGAAAAAAT TAAGTTGGGA GATAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA	300

55

	CAATCGCATG	CCGCAGTTAA	TTATTATAGT	AAAAACCAAT	GTACATGGTG	GGCATTTAAA	420
	CGTCGCGCAC	AAGTCGGTAA	ACCTGTTTCT	AATAGATGGG	GCAATGCTAA	AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC	GTAAATCAAA	ATATGCGACT	GGTCGTACAC	CAAGAAAATT	TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG	CAGGATATTA	TGGACATGTC	GCAGTTGTTG	AACAAGTATA	TAAAAACGGT	600
	AGTATTAAAG	TTTCAGAATA	CAACTTTTAT	CGCCCATTAA	AATACAATAC	ACGTGTACTA	660
10	AGCAAAAAGG	CAGCACGTAA	CTTTAACTAT	ATTTACTAAT	CAAAAAACTT	CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT	TCCTGTATGC	GTGTGATAGA	AGTTTTTATT	TTATGAAATT	ATATTATTAC	780
15	TTCTACAAAT	TTCAAATTGC	CGTAATTGAA	CGTATATTTT	TTCTTCAACT	ATTATTTTCA	840
	CTTTAGCATA	ATCTATATAT	AAAATTTTAT	GCTATTATTT	AAATAATTCT	CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT	TCGATATAAA	CCTTGTTCTA	AATCTCAATA	ATTTTTTGCT	GTTTTTCATC	960
20	TCATTAGTTA	AAAAAATAAT	TAACTGAGT	TTTTGAGACC	TGTTTAAATT	GATGACTCAA	1020
	AACCTTTATC	CCCTTTTCAC	TCGGTTTAAT	TGCTTTAATA	TTTAACACAG	TCTCATTGTA	1080
	ATTTTGCTAC	TAAGTTTGAA	ATATTTTCGAT	TCGAATGTGA	AcATCATTTA	TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG	AAAAATATTG	TTAAACCAAA	ACTATAATTA	CCACTTTTAT	ATAGAACTAT	1200
	ATATAAATTT	TAACTTTGAG	ACAGAACTGC	TAGTCAGGTT	TATGAATATA	TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA	TACTTATTGG	TAAATCATTa	TTTATTTGAA	GAGCATTTAT	AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCCAG	TTATAGCGAT	TCCATGACCA	TTTTTATCAG	TCAAAGATTc	ATCAACAAAA	1380
	ACTTTTTGAT	AAATTTATAT	ATTTGTATAA	TTTATTATGG	TAGATATCTA	CACCCGTATC	1440
	TATAACAGCT	ACAGTTATCA	TTGCGTCTTA	TCCAAATAGT	TTTTAAGAAA	TAAATATAAT	1500
35	TCATTAATAT	CATGGCTATT	TGTAACGTCA	GtGCTTaAGA	CCTTGTCaAT	TATTGTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA	AGAGCCCCTG	ATTTTCTGCA	TACATATTTT	GTATATCGCT	GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT	TAAATTTTTT	TCTAACCTTT	TTCAAAATAA	AATGCTCTTT	AATTCCATCT	1680
	CTTAAATACA	TATAAATCTC	TATTATAATC	TCCATAAATG	TCATATCTCC	TCTCTCAAAA	1740
	AACATTATAC	TCAATATATT	AAAAATAAGA	AAGGTTTTTT	CAGAATTTTT	AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTTATT	CTTAAGTATC	TTATTATTAC	TTCTTTTTTAA	CGCTAGTGGa	ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT	TTAAATGCAA	TGCTGTTGTT	CTTTCATACT	TACAAGCAAG	TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA	AATTCTTATA	TGATGAATAA	ATGATGACTG	CAGAAGAAAT	TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT	GAGGCATTCT	ACTGTTTATA	TTGTAAACAA	ATATCAAAAT	GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT	AAGACTGTTA	AAATCGAGAC	AAGAAGAAAC	TCGTTCCAAA	TTTGAATCCT	2100

55

	AAAACTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTCC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT	2220
5	GTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGaCTGACTT AAACTTTTCT TTAAAATCGC	2280
	TATTCGCCAT TTACTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT	2340
	TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTTCATCA CCTTTTGCCC	2400
10	CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTTGA ATACCTTCTG	2460
	ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC	2520
	CTAATTCCTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA	2580
15	CTTTTGTACC ACCGCCAACG ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC	2640
	GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCACG ATACTGTCCG TCACGACTCG	2700
	CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG	2760
20	CATGTATGCC ATTCATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG	2820
	CCAATACAGA AGCACGTTCC ATTCGTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCTTG	2880
	CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG	2940
25	ATAAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAT GCAGTTATGG	3000
	CCTCTAAAT CGTATTAAGC ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT	3060
30	TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC	3120
	CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG	3180
	CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA	3240
35	TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTTAA ATCCGCCAGT CTGATTCACT AGCTTTGCAC	3300
	CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT	3360
	TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT	3420
40	TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCAGT AAAATGTCGA	3480
	ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA	3540
	AATGTCGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTACT CCTTTTACTT CACATAATTT	3600
45	TTAACATTTC AATCACTACT ATTTTACCA CAAAATAACG TCATTCGTCT TAAAATTCAA	3660
	TTGAATAATT GTCGTTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA	3720
50	ACGACAAATc ATTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT	3780
	GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG	3840
	ATAAAATAAA CTTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC	3900

55

	CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG	4020
	AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA	4080
5	AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAAC TTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG	4140
	AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTTAG	4200
10	CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA	4260
	ATTCAGGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGcTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC	4320
	CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTTCT	4380
15	GGCGTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA	4440
	TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGGAAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG	4500
	ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT	4560
20	CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAAC TC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG	4620
	CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA	4680
	TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG	4740
25	GCTCAGGTTT AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT	4800
	TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT	4860
	ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTTGA CGAAGAACAA GATGCTGTTC	4920
30	ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTCGT GAATATCACA	4980
	GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC	5040
35	CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTACTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA	5100
	ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTCCTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG	5160
	TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAAC TC	5220
40	TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTACC	5280
	GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC	5340
	CGCTTGGGCT GACATTTTTG GCTTGTTAAG CAGCTTGCCT ACTTTTTTGG CAATAGCACC	5400
45	ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA	5460
	ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTTCAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC	5520
	GTCTAACCAC TGTGTCGCCT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC	5580
50	ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTCAGACTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC	5640
	CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTC	5700
55		

	ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC	5820
5	AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA	5880
	ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAAAAAT	5940
	AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGAA	6000
10	AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGTT CAAATCAAGT CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAgcTTTT CACAAGCAGC ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT	6420
	GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAAACTG CGATTGTTGA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTTCTGTA GACATTTTAT CATTAGAAGC TGGAACGCAA	6600
	TATCGTGGTG CTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA	6660
30	AATGCCGTAC TATTTCTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT	6720
	GATTCAGGTA GCAAAGGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAAAGTCG TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAAG GTATTGCGCA AAAATTCGAA GAACACCATC AAGTAAAATT ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATTC CACAACGATT ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG AAAGTAAAA ACGAATTTCT GAATTAGAAA ATGATAAACG TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTTAGAT	7260
	ACTATTCAAC GATTAACTGG TATCCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT	7320
	TTAAAAATA TTTCTAATCG TTTAAGAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC TATTTGTTGG CCCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA	7500

55

	GACACAACAG	CTGTTTCAAA	AATGATTGGT	ACAACTGCTG	GTTATGTTGG	TTATGATGAC	7620
	AATTCAAATA	CGTTAACTGA	AAAAGTACGC	CGTAATCCAT	ACTCAGTCAT	TCTATTTGAT	7680
5	GAAATCGAAA	AAGCAAATCC	ACAAATTTTA	ACATTGTTAT	TACAAGTAAT	GGATGATGGT	7740
	AATTTGACTG	ATGGTCAAGG	TAATGTCATC	AACTTTAAAA	ATACAATTAT	TATTTGTACA	7800
	TCAAATGCTG	GCTTTGGCAA	TGGCAATGAC	GCTGAAGAAA	AAGATATTAT	GCACGAAATG	7860
10	AAAAAATTCT	TCCGCCCTGA	ATTCCTTAAC	CGCTTCAACG	GCATCGTTGA	ATTCTTACAT	7920
	TTAGATAAAG	ATGCATTGCA	AGATATCGTC	AACTTATTAT	TAGACGATGT	ACAAGTTACA	7980
15	TTAGACAAAA	AAGGTATTAC	GATGGACGTT	TCTCAAGATG	CGAAAGATTG	GTTAATTGAA	8040
	GAAGGCTATG	ATGAAGAATT	AGGTGCACGT	CCATTAAAGAC	GTATTGTTGA	ACAGCAAGTA	8100
	CGTGACAAAA	TTACAGATTA	CTATTTAGAT	CATACAGACG	TTAAACATGT	GGATATAGAT	8160
20	GTTGAGGATA	ACGAATTAGT	CGTAAAAGGT	AAATAACGAC	ACTTTAACAT	ATCGCGCATC	8220
	AAAAATGAGC	ATCAGGTCGC	CCTTGCCTGT	GCTCATTTTT	TTAATTATTT	CCCTGGAAAA	8280
	TGATTGCTG	TGTGCTGTTC	TGTTCCACAA	CAATCACGAT	TAATGTCACA	TGTACCACAT	8340
25	TTTCCTTGTT	TTGAACGCTT	GAAAAATTTT	ACTAGTGTAT	ATAAGGCATA	TCCGAAAATT	8400
	GCTAAAAAAA	TTAAAAATGT	AATAATGACT	GACACTTTAA	CCACTCCTTA	AACAAATAAA	8460
	TGTCCGACTT	GATAAAAAAT	GAATGTTAAG	ACATATGCAG	TGACTAGAGG	ATAGGCAACT	8520
30	GCAAGTGCCG	TCCATTTCCA	TGAATAAGTC	TCTTTACGGA	TTGCTGCTAC	TGTAGAAACA	8580
	CAAGGAATAT	ACAATAGTAT	AAATATCATA	AATGCATACG	CAGATAGCGG	TGTGAATTGA	8640
	TTTTGAATCA	CATTAACAAG	GCCTGCATCA	CCTGATGAAT	AGATAATCGC	CATCGAACTT	8700
35	ACGATAACTT	CTTTTGCTAA	AAATCCTGGC	ACTAACGTAG	CACCTGCTTG	CCATGTTCCA	8760
	AATCCGAGCG	GTTGCACTAA	CATACCAAAG	AACTACCAA	CCATATGTAA	AAAACTTTGA	8820
40	TTGATATTCA	CATTGATACC	ATGTGGTCCT	ACATAACTTA	ATAGCCAAAT	GACTACTGAG	8880
	CCGCCAAAAA	TAAATGTACC	TGCTTTACGA	ACAAAGCCCT	TAGCCTTTTC	CCAAGTACTA	8940
	CGCCACAACG	TTTTAATGGA	AGGCACACGG	TATGTTGGCA	ATTCCACAAT	AAAGATTGCA	9000
45	TTATCATTTT	TTAAAATCGT	CTTAGTAAGT	ACTGTACTGA	CTAAAAATGC	CATAATAATA	9060
	CCTAAAACAT	ACAGGCTTAA	TACTACTAAA	GATTGATTCT	CTTTGAAAAA	GATACCTACG	9120
	AACAACGCAT	ACACTGGCAG	TCTAGCAGAG	CATGACATGA	ATGGTGCAAT	TAATATCGTT	9180
50	GTTAAACGCT	CTTTTTTATT	TTCAATACTG	CGCGCAGCCA	TAATACTCGG	TACATTACAA	9240
	CCAAATCCGA	TAATCATTGG	TATAAAAGAC	TTCCCGCTTA	AACCGAACGA	TTCCATAATA	9300
55							

	AAAAAGAGCA CAACAATTTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG	9420
	CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC	9480
5	ACACTATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA	9540
	ATCCATGTAA ATGTAGTTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT	9600
10	ATATATTTAT GTGTTAATAT CTTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT	9660
	GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC	9720
	TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCACGTAA ACTCGACAAT	9780
15	TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTATTTTAA TAAGAATTGA	9840
	ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC	9900
	ATATTTTTAA TTGTCTCTTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAATG CGGTTGATAC	9960
20	CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC	10020
	ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTTATC	10080
	CCGCGCTTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT	10140
25	AACAATTGTA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG	10200
	ATTCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC	10260
	GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC	10320
30	CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT	10380
	AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTT CTAAAATACA ATAATTTTCC	10440
35	ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA	10500
	ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG	10560
	TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCAAAGG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG	10620
40	CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTT ACCATTTTAA ATGTTTAACA	10680
	TACTATTTTC CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCTTA	10740
	AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTCATGTAA AATTTGTGAC	10800
45	ATTGCAAAAA TGT	10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6804 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGGTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGGAAA AATATAATAT	120
	TCCAAC TGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG CCCGTTGTTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAAGTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
15	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCCmgTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAAmACTTA CAAATGAAAC AATTGCACAw CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCCTTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTACTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCATGTTG GCATCAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAACT ATTTTGTTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTcAGGT GGTAGAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAG TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG aTTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTTCATA	1080
35	GCTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTT TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAACTA	1380
45	TAATAAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTCGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTAAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAagcTGTAe TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG AATGGCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTTAAATGTT	1680

55

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTC AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAACTA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATAC ATTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTTAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
	ATTATTTTCAT CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
15	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAgcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGTACCA	2340
20	ATAGACAACT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAAGT	2400
	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAATGAAT GTTAATTTCA	2460
	TCATAAACCG AATTTGTTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGCAT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTTTTAC CACTACCATT TGCCCTGTGA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTGATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTTGT TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTCAGGA CATTCACTCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTTGCTTGA	3000
40	ACATCTAACA TTGCTGTCGG TTCATCTAAA AACAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTCATCCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
45	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTCTTCGT ATACTTTTGG CATAAAAAC	3240
	TGGCTATCAG GGTCTTGGA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTCAG AAGTGTAATT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAGT ACTTTTTCTT TGTCTTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480

55

	ATTTTGTTAC GCCTGTCTTA TCTAAAGCTT TTAATAAAAG GTAAGATAGG ACGCCGGCGA	3600
	CTACTGCACC ACTAATTAAT CTAAATACGA TGAATAATGT TAAGTTCCAA CCTGCAACTT	3660
5	CATTTAAATA ACCATAGAAA TAATCTATCG GGAAAGCCGC GATTGCTGTA CAAAAACCTG	3720
	CTAACATAGC TACCATAACT GAACGTGATT GATATTTAAA AATTGCAAAG ACAAGTTCAC	3780
10	ACGCTAAACC TTGTATAAAA GCGTAAACGA TTGTCGGAAT ATCGAAACGA CCCATAATGA	3840
	TAGTTTCGCC GGCACCTGCA GCAAATTCAG CCAGTAAAGC AATACCTGGT TTTGGAATAA	3900
	TTAGATAGCA GACAATCGCT GCCATGAACC AAACCCCGTT TGTTAATTGT TCGAGGTGAA	3960
15	GGCCTGTAGC TTGCACACCA TTGTAAACAA ACCACCATAA ATTGTAAATA ACTGCGAATA	4020
	CTACTGAAAT AAGTACGGTT ACTAGTATTT CAGATAGCTT TAAACCTTTT GACATTTTTTA	4080
	CATCCTCCTA ATAAAAAAC GCACAACCAT CCATAGGAAA GTTATGCGTT CACAATATAT	4140
20	ATTAGTAAAA CATATGTATA GTAACACTTT CCTACGCTAG TTCAAGCTAG ATCAGGTTCA	4200
	AAGGGTTTGA GGGCAAGCCT CATCTCAGTA TAAACACCCC CTAGTGTGTG CGATTTATTT	4260
	AATTAATTAT ACTGTAAGAC GTTTGTAAAC TTATGTCAAT AGGTTGTCTT CATGAAATTT	4320
25	CGTTTAATTC GATTTAAAT TTATAATATT AGCATTGGAT TTAAATTGAA GATGTAGTAG	4380
	GAATGTTAGT AATTAAAGAT ATAAAAATAT GTGACATGTA ATAATATTGA GCTGATAAAT	4440
	GAAGAGGGAT ACTTATCAAT CATACCTCTT TAACAACAGT GAAGAACCCG TGCATAATGG	4500
30	CTTACGAATT ATAGTTTATA AGGAAGAAGA GGGATACATG CGCCGAGCAC ATGCATAAAA	4560
	GCCCCTAACA ACTAAAAGTT GTAAGGAAGG AGAGGGATAC ATGCGCCGAG CACATGCATA	4620
35	AAATCCCCTA ACAACTAAAA GTTGTAAGGG GATTTAAATT AATTTAGTGT ATCTTGATA	4680
	TCTTGTTTTG kTTGaTTAAT ATCTTCTGTT TTTTCTTCTT TTTTATCTTT TAATTTTTCT	4740
	TCAACTTCTT TAGCTTTTTT TGCTGCTTTT TTATTTTGAT TTTTATTAGA CATGATTAAT	4800
40	TCCTCCCAA TTGGATAATT ATTTATATAT AAATCTTACC CGGTTGTACT TTCGTTAAAC	4860
	TTTTCTAAGT CTATAGCACT ATTTATTCAT TTATCTAAAG ACAACAACAT TAGATTAATA	4920
	TATAATGATT TTGAGGTGAA CATAATGTCT TTTCTTAGGA AACACGCCGA AATTATTTTT	4980
45	AGCTATTTAA TCGGTmWCGT TcACTCTTCA CTGGkcTCAT TATTTTAATT AACTTGCCAT	5040
	TAATTAAACA ATTAAATGGT GGTAAAAAAG TTGATACACA TGTTTATAAT GTGTGGGAAT	5100
	TTCTGAATGC ATTTTTCAGT GAAATTATTA AAGTAATGAG TCGATTTATA GGTAATTTCC	5160
50	CtATAGTTAG TGCAATTGTG ATAATTATAT TCGGTATTTT AGTTATGTTG ATTGGTCATA	5220
	CATTACTTAG AACTATTAAG TATGACTATG ATATTTCTAT CTTTTTCTTA GTTATCGGTA	5280

55

	TTTTCATTAT TCCATTTACA ATTCATATAG GATATATCGT CTATAAAGAT GAATTGAATC	5400
	AGGAAAATGT AAAAAATCAT TTCATGTGGA TAATTGTGAG TTATGGTATA AGTTACTTAA	5460
5	TTACACAAAT TGCATTGTAT GGCAGAATTG ATGCTAATGA AATAGAGTCA ATTGATATCT	5520
	TAAGTGTCAA TGCTTTCTTT ATAATTATGT GGTACTTGG TCAAATGGCT ATTTGGAATT	5580
	TCTTGTTCTT GCGCCGAGCT TTACCTTTAA CAAAGCAAGA ATTAGGTGAA GAGGAGCCAG	5640
10	AATTATCAAG AACAAGTAAA GGAATGTCA CGAATCAAAC TAAAATTCAC TTGAAACAAC	5700
	TCCAAGATAA GACTACAGAA TATGCACGTA AGACAAGAAG AAGTGTCGAT TTAGATAAAA	5760
	TTAGAGCTAA AAGAGATAAA TTCAAAAAGA AAGTTAATGA TATTATCGAT ATTCAAGAAG	5820
15	ACGATATTCC TGATTGGATG AGAAAACCGA AATGGGTAA ACCAATGTAT GTCGAACTAT	5880
	TTTGTGGTGT CGTCATCTTT TTATTCACAT TTTTAGAATT TAATAATCGT AATGCATTAT	5940
20	TTGTATCTGG TGATTGGAAA TTATCACAGA CACAATATGT TATTGAATGG GTTACATTAT	6000
	TAATTCTGTT ATTCATTATT ATCGCATATA TCGCTACAAC GTTAACTTTC CACTTGAAAG	6060
	GTAAGTTTTA TTATTTACAA TTATTTATGG GGAGCATTTT ATTCTTTAAA TTGTTAACGG	6120
25	AATTTATAAA TATAATGATT CATGGACTAT TACTTTCAGT GTTCATTACG CCAACATTAC	6180
	TATTAATGTT ATTGGCAATC ATCATTTCCTT ATTCGTTACA ATTACGAGAG CGACCATAAT	6240
	TAAAAGCATT ATAAAAGTAC TATCTATTAA ACATTTTGAT GTGTACGCTA TAAGTTAGAT	6300
30	ATATCTCTAA CTTACTTAGA TACAGGTCAA TGAAGTTTAT GGATAGTACT TTTTGTGTA	6360
	CTAGATTTGA TTGATTCAGG TGATGTGAAT TAAGTATTGA TAATTGTATA CAAAGTTTAA	6420
	GTGCAAATAA AATAGTTGAA AAGTTATCCA TTTGTAAAAT CAAGAAACT AGTAAATAGT	6480
35	TGAAGCGACT TATGGAATTT GCGAAACGAT ATATAGTATT TCCTTTGTAG AAATTTTACA	6540
	TATATCATTC AAATTACTAA TTTGTTAAAA TCAACAGTAA GATTAGAAGT AGATGATATT	6600
40	GAAATTTGGC AAACAaTtTA ATCTATATAA AACTACAACG AAACACAGAA AGGAAGTTGT	6660
	CAGATGAAAA TAGCAACTCT GAACAAAGGC AAAGAAACAA AATATTTTAA TGGATATCCT	6720
	TTAATTGAAG AAGAGGATAT CTATTCACAA GATCATTTAA AAGAAGGAGA TATTTTTCAA	6780
45	ATTGTGACTG ATAAATCACA ATAT	6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1717 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAACATG GGGTGTtTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAGT	120
	ATGTAAGTGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAATAGCT ATTATCATTT TTGAATTAAT	240
10	TATATTAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCAITTCa	300
	ATTGTTTTTAT CTATATnTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
15	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTTAAGTG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGGC GGATTTGTCG GTGGATATTT AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCAAGATA TGAAGTACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATTG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAACCTA TCAACCACAT AGGTAAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT TTTTCTTTAC CTATGAAGAT TTACCTTTGT TAGACCCAGA TAAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
40	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTTATTCC TGATTATAC	1320
	GAAAAACATT CTAATAACCG TTATACCTAT CATGAAGTT CAACTGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATTCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGtGAACA GTTTTGATTT AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAACT	1500
	AAAACAGATA CTCCGGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTTAAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTCGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGAGA CGTTnGAAAT TACTTCGAAA	1680

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1847 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

	AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTGCGGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa	60
5	CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC	120
10	ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA	180
	TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCG AAAGACTTAA	240
15	ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTAAGTGT GGCATTGGTT CTAATATGTT	300
20	ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG	360
	CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTcMGC CCtTGCGAGA TTTTGGGGT	420
25	ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA	480
	GCGAAATATC CATATAAATT TTTAAAAAAA GAGTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT	540
30	CTACATGCCA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA	600
	TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA	660
35	ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA	720
	ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG	780
40	AAAGATCCAA CAAACTTAGA AAAAGATATT TATAAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA	840
	TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTACG CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT	900
45	GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC	960
	TAGCTAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG	1020
50	TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA	1080
	TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA	1140
55	AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATAA TATCTAAGAA TACATGGAAT	1200
	TTATCAAAAG AGACTTAAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAAT	1260
	ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTTGAA ACTAATTTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC	1320
	GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAACTCA GGATATAAGT	1380

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500  
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560  
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATT CTAAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620  
 CATTTGTGCA TTACTACTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680  
 10 ATTAACATAA TGATGTTCTT GACCGTTCTT TTGACTAACA TGAACATAAC TAGATGCAAC 1740  
 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTCTTCAG CAGTAGTTAC 1800  
 AATAAATTTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 494 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

25 AACAAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60  
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTTACTAA 120  
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180  
 30 CCCCATTTAA TTTTAAATT TGTTCACAC TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240  
 TAAAGGCAAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAAACTAT TTATCAAAAA TAAACGTATC 300  
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTC AACAAAGTTG 360  
 35 TCACTATCTA TTAAATAATC ACGCATGCAT CCTTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420  
 GTGTACCATT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480  
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2518 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTa AATCTACTTC 60

	GATAATTTCT	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTCGGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCA	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTGTCT	540
	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AAACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
15	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCACTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGTT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTTGTACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAACAAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATTGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAATAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAAAAAA	GCTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGCG	ATACCGCTTA	AACTTCCTGC	TAAATCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
40	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCAAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTTTA	AATGGATTGT	TTCAAAAAC	ACTTATGTTG	TCGTTAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTTACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTTT	TTGATAACTT	TTTACATCT	1800
	GAAAGTAAGT	AATATTTCTA	AAAACTTTAA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860

55

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTtagTTT TCTGATAGGA 1980  
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040  
 5 AACAAATGGTT GGTtATACTG AAGATGAAAA TATTTAGTAT AACTTAGTGG AGGCGATAAA 2100  
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTtGC AATTTCTATC TATTTAGCAC TTATCTTTAT 2160  
 AACGTTCACT TCTTATTTAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220  
 10 ACATTTCTGTG TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAA AACATTTGAG 2280  
 TCTTCCTGAA ATCTCATTtA AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340  
 CGATTCAATT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400  
 15 TCACTCTTTC TTAAAAGTCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATACACC GACATATTTT 2460  
 ATGTTGTTGG TGTTAAGTTT aAGGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 790 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60  
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTCGAGATAT GGCATACAAT 120  
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTtATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTtAATA 180  
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240  
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300  
 GCAATTGACA ATACCCcAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360  
 40 ATGACAGATT ATTTTGTtGT AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420  
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAAACGTAT GGAAGGATAC 480  
 AATGAAGCGC GTTGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540  
 45 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600  
 AGTCAGGTTG CGTATTtAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660  
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720  
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTa CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1823 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

5	ATAGATGAAG GTGCAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT	60
15	GCTGATTTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAACG ACGATATGAC AGGAAGAACG	120
	TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA	180
	TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG	240
20	AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTGTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA	300
	AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAACTAAT AACCGCAACT	360
	AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG	420
25	GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAACG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT	480
	ATACACATGG TGTCATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC	540
	TTCAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG	600
30	AATCAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA	660
	TTATTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC	720
	CACATGCGTA TGTGAAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT	780
35	ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA	840
	GTGAATGGAT GATTCCCAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA	900
40	AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAA TAAATTAAT AATAAAAATG	960
	TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTTCAAAG CATTTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT	1020
	ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATTCAAGAT AAAGTATCTG	1080
45	CACCGGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT	1140
	TAGGATTATC AAAAGAACT ATGGTAAGTC CTTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT	1200
	TAGGTATTGG GTCTGAAAAA GATAAAGAAA TGACTATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC	1260
50	ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG	1320
	CAATTATTCC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTTGTTTG	1380

CTGTATTTGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA 1500  
 TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT 1560  
 5 GTATCTTTGG ATTAACTTTA CAAACTAAGC ATGAGGAtAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG 1620  
 CTACaGCATT TGGTACTaAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGGaAGTAG 1680  
 aaaAGGtATT TGCaTGTGGc gGTAtACctA AAAAGAATGC TGTTATGATG GATATCTATG 1740  
 10 CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG 1800  
 CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT 1823

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1600 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTTcATATG tCCtAATAAC AAAAGAATAG 60  
 GTTTTaAAAAG ATATGCATAC CGTAATGaTA GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT 120  
 ATGaATGTGA TGA CTGTTCA TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA 180  
 30 AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAAATTAATC 240  
 AAAAGCTTTC TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC 300  
 TGTTTTTGGG TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGAATAAAT 360  
 35 AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT 420  
 CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT 480  
 AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT 540  
 40 TTTGTTATAT CTAATTCGTA ATTTATGATT GTTTATTCCG TCCTTTGATG TTCACTAAAT 600  
 GTGACTTTAA ATCTTGTCT AATTGTTGTA ATTCCTTTTC AGCTAATTGT CGTCTTCGC 660  
 45 GACCGTGTG TTGAATAATT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC 720  
 GTTTCATGT ATCAAGATCA ACAAATGCCAC GCTCATTTTC TGTTGCAGTT TCAATCGCAT 780  
 TTTGTTTCAA CATTTTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC 840  
 50 GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT 900  
 TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA 960

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGGTTGAA 1080  
 TATCCATTTG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140  
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200  
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTAAAT GTGTTTGATG 1260  
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320  
 10 GATTTCAATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAATCTT TTTAACATAG ATGGTTTATC 1380  
 AGTATTTAAC TCATTTGGAT TAACTGACTT TAGTTTTGAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440  
 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500  
 15 CATTTGTTTC TGkAAATCAG AACCAAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560  
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CCTGTTTTTG TTGTTCAATT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1227 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:

30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCCTG 60  
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTCTATAT CTGGTGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120  
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCTA CTGGTTCATC TTTAAAACCT TTCTTAGCGT 180  
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGGGATTCAA GATGAATCTT 240  
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300  
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTTAAAAGCT TGGCAATCAG 360  
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAAACTT GGCTTAAACT 420  
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTCACCAA 480  
 45 CACAATTAGC ATCAGCATTT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540  
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600  
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660  
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720  
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTG TrGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900  
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTAAACGTC 960  
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020  
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AAACAGCAGT GGTACTGCAC 1080  
 AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140  
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200  
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1953 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60  
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTTCATC TTCACACATG AyTCaATTGC AGTAGGTGAA 120  
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180  
 30 AATGTTATCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240  
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300  
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360  
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTcAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420  
 GCTAAAGATC TTGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480  
 GCATTTGAAC AACAACTCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540  
 40 CGTGTTCGCA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600  
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTTGGCGCA AGTGCACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660  
 45 TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA 720  
 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTTGAAA 780  
 TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTTCA 840  
 50 GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900  
 TATTAAATA CTGAATAAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTCAG 960

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080  
 CTTGAAGAAA AACCCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAATGGG 1140  
 5 TCAAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200  
 TCAAAATATG AAGAGTGCGA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260  
 TGGAAATGGC CTCTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320  
 10 GTTAACAAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGTATG ATTTACAGAG 1380  
 AGTTTATTTA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTTAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440  
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GTATGAAAGC TCAAATTAT CCGGTAAAG 1500  
 15 AGAAAAAAT AGTTTGGCca CCgTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTT 1560  
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620  
 CtACAGTTCT AATTTGGACT TCTCGATTTG AAGTCAAAGG TACAGAAATT TATATGAAAC 1680  
 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTTGATTT CATTACTTAT CATTCGTACT GTGATGAAAA 1740  
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800  
 25 TCTGTATGAT TGTTCCCTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAAA CTAAAGAAAA 1860  
 CATTAAATCAA TTAATTACTT TTaaaACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920  
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGA AAAGGnGGAA AGG 1953  
 30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3787 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

40 ACATTTGATC AAnTTATCGA CAITAAAGAT GAATTCAnTT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60  
 TGTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120  
 45 TATCcACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAAGCCA 180  
 CTGAAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACAATGA 240  
 AGGTTGGTGT TCAAAATAAT GCAATGrCAA TTACTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300  
 50 ATAGTTTGAA GTTTTATAGT AAGTGCATTG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360  
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420

55

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATATTAT CGATGAATGC CATTCCCTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTC AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTATTATTC AATCTGCAAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
	GCATCAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
15	TTTAAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATT CTCTGTTAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTTTAAGA CGAATGATTT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTTT ATATGATTAC GGTCATTTGT GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTTGTTGGTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTTCG TTAAGTGGCA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAAATTAT ATTCCGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CACCTATATG CGATGAGACG ATTTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCTG	1680
	ATTGTTGTTT AATGCGTGTT AAACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
40	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
	AATGTTTTGA CATATAAAGA GTTAACTTAT TTACCATTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATTT CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAA TTAAGTGGCTT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

	ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTTG AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA	2520
10	ATAATTTGAC GAGTGTATTG GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTTG TATCATGACT	2580
	TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA AACGCaTGmA AcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT	2700
15	TCGAAGCTAT TGACAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT	2760
	TACAAGTGTT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTC GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA	2880
20	ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTTAAAGAAA TTTGGTCTAA GGCGAAAGAT GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTTTAAAT TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT	3120
	AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTGCTTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA	3360
35	GTAGAACATA TAGAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA	3420
	ATGAAAATGC GTGTTGTTc TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTGTG CAAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG	3540
40	GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TCGGTTAAAA	3600
	GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATTGCGCG TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTTT AGGTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT CGAAAAATA AATCCAAATT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA	3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1644 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATTT CAAACTGAGG AACGCnAAGA CGGsACgTTT CCAGATTTAG AAGTATTTAA	60
	AAATGAATGT GATTTAAGCT ATGACATAAC GTCACCTTAT ACTTTTAAGC AACCTGTATC	120
	ACCACACCTT GCATTTAAAA TGACAGATCA AATTTTCTA AATAAGCAGC GTGTATTAGA	180
10	TAAGGTAAAA GTTTTAGATA AGGAATTTGA TTTTATCTTA ATTGAGGGTG CTGGGGGAAT	240
	TGCCGTACCA ATATATGAAG GTACAGATGA TTTCTACATG ACTAAAGATC TAATCAATGA	300
	TTGTGCAGAT TGTGTCATCA GTGTGTTGCC ATCAAATTA GGTGCTATTA GCGATGCCAT	360
15	TGTTCAACCA GATTATGTTA ATCAGAATGT ATCGGCGAGT AATTTTTTAA TAATGAATCG	420
	CTATACAGAC AGCTATATTG AAAAAGACAA TCAAATGACG ATTGGAAAAT TAACAAATAA	480
20	AACAGTCTAT ACATTGAAG AACATGCCAC GTATGAAAAT TTCTCAGAAG CATTTTTTAA	540
	ACAATTAATA GGAGTTAAAA ATGAATTACA CACAACAACT TAAACAAAAA GACTCAGAAT	600
	ATGTTTGGCA TCCATTTACA CAAATGGGTG TATATAGCAA AGAAGAAGCA ATCATCATTG	660
25	AAAAAGGAAA GGGTAGTTAC CTTTACGATA CGAATGGCaA TAAATATTTA GATGGTTATG	720
	CATCGTTGTG GGTCAATGTG CATGGTCATA ATAACAAATA CTTnAATAAG GTAATTAAAA	780
	AGCAACTCAA TAAAATTGCC CATTCTACGC TGCTAGGATC ATCAAATATT CCGTCAATAG	840
30	AACTTGCGGA AAAATTAATC GAAATCACGC CAAGTAATCT AAGAAAAGTA TTTTATTCTG	900
	ATACAGGCAG TCGCTCTGTT GAAATCGCAA TAAAGATGGC ATATCAGTAT TGGAAAAATA	960
	TTGATAGAGA AAAATATGCC AAGAAAAACA AGTTTATAAC GCTAAATCAC GGTTATCATG	1020
35	GGGATACGAT TGGTGCGGTA AGTGTGGTG GTATCAAGAC CTTTCATAAA ATATTTAAAG	1080
	ACTTAATATT TGAGAATATT CAAGTAGAAA GCCCATCTTT CTATCGCAGT AATTACGATA	1140
	CTGAAAATGA AATGATGACA GCTATTTTAA CGAATATAGA GCAAATTCTA ATTGAAAGAA	1200
40	ATGATGAAAT CGCAGGGTTT ATATTGGAAC CGTTGATTCA AGGTGCGACA GGCTTGTTTG	1260
	TTCATCCTAA AGGCTTTTTG AAAGAAGTCG AGAAATTGTG CAAAAAATAC GATGTCTTAT	1320
45	TAATTTGTGA TGAGGTAGCA GTTGGTTTTG GGAGAACTGG AAAGATGTTT GCATGCAATC	1380
	ATGAAGATGT TCAACCGGAT ATTATGTGTT TAGGTAAGGC GATTACTGGT GGCTACTTAC	1440
	CACTTGCAGC TACATTGACA TCTAAAAAAA TATACAATGC ATTTTAAAGT GATTTCGATG	1500
50	GTGTGAATAC CTTTTTCCAT GGTCaTACAT ACaCCGGAAA TCAAATcGTT TGTaCGGTTG	1560
	cATTaGaAAA TATaAGaCTT TATGaAAAAC GTaAGTtnAT TGTgCACATa TTGaAACGaC	1620

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA aAAATCATTa AGTTAAGGTt GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60  
 TTGCGCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120  
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180  
 CACGCTTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCCGTAA CCTGCCAACC 240  
 AAAGCGAGAA CAAAACATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300  
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTT GGGCAATACG 360  
 aTGCCCATTG TACTTGTGA CTGGTCTGat ATCcGTGAGC AAAAACGGCT TATGGTnTTG 420  
 CGAGCTTCAG T 431

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGGTTGT GTTTGCGTCA CGTAGACAAC 60  
 CTCCATAAAG TTACTTAATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAAA TTGGAAnAAT 120  
 TATAAAAAATT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180  
 ACTGTAAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTTT TAAAAaAATAT 240  
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300  
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360  
 ATTGCCAGGA GATCCGTTAA GAGCTAAGTT CATTGCAGAA ACTTATTTGG ATGATGTGGA 420  
 ACAGTTCAAT ACAGTGCAGAA ACATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480  
 TTCTGTCATG GGTTcAGGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540

	CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA	660
	ACAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGC GCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC	720
5	AGTTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAATGTGT TATCAAGTGA	780
	TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG	840
	TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCAaTT TACGCTGGTG TCGAAGCATT	900
10	AGGTGTGTTC ACAGTGAGCG ATCATTTTAAT TCATGAAACG TCAACAACaC CTGAGGAAAG	960
	GGAACGTGCA TTTaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA	1020
	TGTTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTTCAG	1080
15	TTTGGTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT	1140
	ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCGGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC	1200
20	TGTAGTATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC ACACTATTTA TTTATGGCGT	1260
	GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT	1320
	TTTAGTTGGA CGTATTATTC AAAGTCCGG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT	1380
25	ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTTGGCT TAAGTACGAG	1440
	CAGTTATTCC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTTATTT CTACGTATTT	1500
	ACACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCCTATT	1560
30	TAAATTATTA CCAAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT	1620
	TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTTA ATTGGTTATA	1680
	TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGCCTA TATATTAAAA ATGCGCAACG	1740
35	TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAACGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT	1800
	ATTTGTAATG TATGCTATCC AATTGGGTTA TATTTTACG TTCCCATTCA TAATGGAGCA	1860
	AATTTATCAT CTGcAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG	1920
40	CAGTCATTGT TGGtGgCACT AAGTGGgTtA AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA	1980
	CCAAGCGGAT TATCACAGCC AATTAA	2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4858 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear
- 50
- 55

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACTCA	180
	TTAAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAATGA AACCTCATCA ATTCGAACAA TTATTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTTAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGAATTGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCATTTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGA TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCAATTA AACGGAGGAT CGATTAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAAATCATA TTTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTTGTACTC CCAAATTTA CAATAAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTTGATTCT TCTTTTTAGC AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTTGA GGGTGTAATA TGAATAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTTAC AAGTCTTATT CAGCACAATT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAAGC GTGTCATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTGCGC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
45	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGGC ACTATTCAAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCAGT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

	AAGTCACTTG	GAAATTGTTG	CACCTGTTGT	TGAGGGGCGT	ACGAGAGCAG	CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA	GCTGGGGCTC	CGACGACTGA	TCATCATAAA	GCAATGCCAA	TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT	GCTTATCCTG	GTCAAGGAAT	TAACTTCGAA	ACAATGAACT	TAGGAAACTT	1980
	GAAAGGCTAT	TCTACGGGTG	GTTCAATTGCA	TATTATTACT	AACAATAGAA	TTGGATTTAC	2040
	TACAGAACCA	ATTGATGCAC	GTTCAACAAC	TTATTCTACA	GATGTGGCCA	AAGGTTATGA	2100
10	TGTGCCAATA	TTCCATGTCA	ATGCAGATGA	CGTTGAAGCT	ACTATTGAAG	CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA	TTTAGAAAAG	AGTTTCATAA	AGACGTCGTT	ATTGATTTAG	TAGGTTATCG	2220
15	TCGTTTCGGA	CATAACGAAA	TGGATGAACC	ATCAATTACT	AATCCaGTTT	CTTATCAGAA	2280
	TATTCGCAAA	CATGACTCTG	TTGAATATGT	GTTTGGTAAA	AAGCTTGTTA	ATGAAGGTGT	2340
	CATTTTCAGAA	GATGAAATGC	ATTCATTTAT	AGAACAAGTC	CAAAAGGAAC	TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA	ATTAATAAAG	CTGATAAAAT	GGATAATCCA	GATATGGAAA	AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCAATTA	CCGTTACAAG	CAGACGAACA	ATCATTTACT	TTTGATCACT	TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA	TTGTTAACAT	ATCCGGATGG	CTTTAACATT	TTGAAAAAGT	TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG	CGTCATGAGC	CGTTTAATAA	AGAAGATGGT	TTAGTTGATT	GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT	GCATTTGCGA	CAATTTTACA	AGATGGTACA	CCGATTTCGCT	TAACTGGTCA	2700
	AGATAGTGAA	CGTGGTACAT	TCAGTCATAG	GCATGCCGTG	TTACATGATG	AGCAAACAGG	2760
30	TGAAACATAT	ACACCTTTAC	ATCATGTTCC	TGATCAAAAA	GCGACATTTG	ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT	TCAGAAAGCAG	CAGTAGTTGG	TTTGAATAC	GGCTATAATG	TGGA AACAA	2880
35	AAAAAGCTTC	AATATTTGGG	AAGCACAATA	TGGTGATTTT	GCAAATATGT	CACAAATGAT	2940
	TTTTGACAAC	TTCTTATTCA	GTTCTCGCTC	AAAATGGGGA	GAACGTTTCA	GATTAACATT	3000
	ATTCTTACCT	CATGCATATG	AGGGTCAAGG	GCCTGAACAT	TCATCAGCAA	GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTTACAA	TTAGCTGCTG	AAAATAATTG	CACAGTTGTC	AACTTATCTA	GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC	TTATTGCGTG	CACAAGCGGC	TAGTTTAGAT	TCTGAACAAA	TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG	TCACCAAAAA	GCTTACTGAG	AAATAAAACA	GTTGCAAAAC	CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT	GGTGGATTTG	AGCCAATTTT	GACAGAATCA	TATCAAGCGG	ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT	TTGGCAACTG	GTAAAATGTT	CATTGATTTA	AAAGAAGCAT	TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA	TCAGTATTAC	TCGTTGCGAT	TGAAAGATTG	TATCCATTCC	CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA	TTACTAGCAC	AATTGCCAAA	CCTTGAAGAA	GTGTCATGGG	TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT	CAAGGTGCAT	GGTTATATGT	CTATCCATAT	GTTAAAGTGC	TAGTTGCAGA	3540
55							

AGAAATTCAT AAACCTGTTC AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAC TAGGG 3660  
 GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA 3720  
 5 CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG 3780  
 AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG 3840  
 AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA TCGCAATTGCT ATCATCGGCG 3900  
 10 AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAAATGAAG 3960  
 AAACAAATAA TAAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC 4020  
 15 AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGctACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC 4080  
 GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG 4140  
 AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACAACACAA CAAGCATCTG 4200  
 20 CAAAAGAAGA GAAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCTG TAAAAATGT 4260  
 CACGTAGAAA GAAACAGCT GCCAAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT 4320  
 TAACAACATT TAACGAATG AcATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA 4380  
 25 ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TACTAAAGC 4440  
 TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT 4500  
 GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT 4560  
 30 ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGcTAA 4620  
 TTTAGCAGTT AAAGCaCGAG AGAAAAAACT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT 4680  
 35 TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA 4740  
 TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA 4800  
 TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT 4858

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2222 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT 60  
 TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATnATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC 120

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTTGGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTCGG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAAA TTTTCGTTGAA TGGATTTTTG ATTTCTGTAG GGGAAATCATT	600
15	GAAGGTAACA TGGCTTGGA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTGAAGA GTTCACTTCA	900
	ACATTAACGC TTGGTCTGCG TTTGTACGGT AACATATTTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATTT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTTA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
35	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
	GGTTTAGTTG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCAGTA GGTCCTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA AACTAGCGA TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTCATCGTG TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
50	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
	AAAATAAACA AAAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920

55

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040  
 TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GGCGATAAAT 2100  
 5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160  
 TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220  
 TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15 (A) LENGTH: 1143 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC 60  
 TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTGTC GATTGTAACA 120  
 25 ATTATATGCA AGTTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTGTGTT AATAGTATAA 180  
 TAATCCATCC AATAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTTGA 240  
 CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300  
 30 GTATCATCAA ATAATTCAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360  
 GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTTACC ATACGTTTCT 420  
 TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA 480  
 35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540  
 TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600  
 ATACTAACTT GATTAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTTAAA 660  
 TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720  
 AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780  
 45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT 840  
 ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAACTTCA AAAATGTCTT TGCACTTACT 900  
 TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATTA CCATCAATTT GATACAAATC ATTCAACATA 960  
 50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020  
 GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTTaAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

55

ATT

1143

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 506 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC 60  
 CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA 120  
 TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC 180  
 CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT 240  
 ACTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC 300  
 GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA 360  
 AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAATGAAG CTTTATGaCC TTGTTTatGA 420  
 AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA 480  
 TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT 506

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 421 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG 60  
 TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTAATTGAAT 120  
 TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA 180  
 AAGTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA 240  
 TTGATAACAA TTATCATTGT CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTCT AAAATGTATG 300  
 ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTCCTTAG ACAAATACT 360  
 GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTCG ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC 420

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

TGCACTTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA 60  
 AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAAATGGC AACGATTCTG TTTACAGAAC CTACGCTGAT 120  
 TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA 180  
 ATTGTATTTG TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTAGA GAAACAAGTT ATACATCGCG 240  
 AGTGTATTTA GCTGTGGGAG GCGGATTTGA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAACCTAAC 300  
 CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT 360  
 AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC 420  
 GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTTGTCA TTTAATTATA TGTCTGATGT 480  
 ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT 540  
 TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG 600  
 TGAAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC 660  
 GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG 720  
 TAGCTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC 780  
 GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT 840  
 TAAgTATAGT AACTGGTTAA AC 862

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATTCCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA sATAAACGGT 60  
 CTTCTACCTG TCTsACATTA TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT 120

CAGTTTTACG TCCTACACCT GCTAAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTTCTC 240  
 CATTA AATTG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT 300  
 5 ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT 360  
 CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC 420  
 ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTGGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC 480  
 10 ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC 540  
 TTACCATCAA GGTCTCCCC GTTAAACCAA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC 600  
 15 GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTMTGACA 660  
 TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA 720  
 CTATTGCGCT CGTCTAATGC CGCTTGATA ATTGCAGTAT CGTGTTTATC AACATCAATC 780  
 20 CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA 840  
 ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTT CATACTTTGT 900  
 TGCTTCAATA TATGACTTAA TTTTCGAAA AAAGGATCTA GATTCATATA TTCGGkAAAT 960  
 25 CTACCTTCyT CATCyTTTTG aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAATTTTGA 1020  
 TACCATT 1027

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1006 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40 AAGGnTTGGA GGAATTAAT nGATGGCAA TCCAGaTAA AGTACACaAC GCATGGAATG 60  
 TGATGCATTT AATATTTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG 120  
 GGGGCATACC AAAAGATTTC ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC 180  
 45 CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGA 240  
 TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT 300  
 ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG 360  
 50 CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTA CTGATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG 420  
 GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa 480

55

GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600  
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660  
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720  
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780  
 10 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840  
 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTAA 900  
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTaTGTAATT GGCGACATGC AAAGAATACA 960  
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTTTAn AGnAAGAAAT GTAAAA 1006

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 662 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTnATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60  
 GTAAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120  
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180  
 CATTTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240  
 35 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300  
 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360  
 CATTCATTGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420  
 40 TAAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AAACATTGCT ACATCGTCGA CGCTATATTC 480  
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTGC TGAACGTACT GCTATGAATA 540  
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTTGCTCAAA 600  
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660  
 TT 662

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 669 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTITAGGA AACTAGTGAA 60  
 TATAACAAAT CCCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120  
 CTAAACTGCA ACGGTTCTTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATATCA ATTCAAGCAT 180  
 10 ACTTATTGAA AAATGTTAAC GTTTTCTTGA TAATCATTGT AAGCGCATT ATTTTATAAA 240  
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300  
 TAAAAAGAA GTATTTAGAT TTACTATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AAACTTGCAA 360  
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCTGTA 420  
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480  
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540  
 20 TAACTGCTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAT TgATTAAAAG TGATTTCCAA 600  
 AATTgCGGtC mActTAATgt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660  
 25 AAATATTGT 669

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1249 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

35 CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60  
 TATCAAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAT 120  
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180  
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA 240  
 45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTAC CAGCTGCTGG 300  
 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360  
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420  
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGctCnCTA 480  
 AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTT 540

55

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTTAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660  
 AATCATAATT GGATAAGGTG TTTGTGCGTA CAGTGTTCAT ATAATCAGCC AACAAATGTGT 720  
 5 ATCACCAtCA AACACGTGAC TATGATTTTt GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780  
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840  
 TTCGTTTTGT GTATTCACCT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900  
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960  
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACTTTCTA AATCAACACG 1020  
 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080  
 15 TTGATCCATA CTTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTTTGTGGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140  
 TCTTGACTC TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200  
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CCTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60  
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAAC AAATGGTCGA AACGCCCAA TTAAGACAC 120  
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAT TATATCCAAC CAAAAATCTC GATGATTTTT ACGATAAAGA 180  
 AGGCTTTTCGA GATCAAGAAT TAAAAAGGG TGATAAAGGT ACTTGGATAG TTAATTCTGA 240  
 AATGGTAATC GAGCCAAAAG GTAAGGATAT GGAAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300  
 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360  
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAATCAT 420  
 40 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAACT TTAAGTTCTT 480  
 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTATATAA 540  
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600  
 50 ACAGTTaAgA AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAACTAT TATTGAAAGG 660  
 CGATGGAGAT TAAAAAGGTT CATCCGTAGT TcTAGAAGTC TTGAATTAC CTTTGTGCAA 720

	AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA	840
	AACAAGTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA	900
5	GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT	960
	GATATTAGTA AGAAATTAAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTG	1020
	TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA	1080
10	AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC	1140
	TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA	1200
	TTTCITTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA	1260
15	TTTGGAATTT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA	1320
	GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC	1380
	TTATTTTCTC AGACGTAATA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTA ATCAAGGATT	1440
20	AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA	1500
	GCGTTTGAT CACTTTGCTA TGGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC	1560
25	AATGATTACT ACCCCTAGTC GCGGCAATT GAAGGTGAT TGATGTAAT TGCCCTCGTT	1620
	GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCTCCC ACAAATCTGG	1680
	AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT	1740
30	tAAAAAGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC	1788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                             |
|----|-----------------------------|
| 35 | (A) LENGTH: 2407 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid      |
|    | (C) STRANDEDNESS: double    |
|    | (D) TOPOLOGY: linear        |

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

	GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA	60
45	GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA	120
	ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTTT	180
	ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTCAG AGGAAGAATC AACAAATAGC	240
50	TTATTGCAAG AATATTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAAAG ACAACATGAT GATATTTATT	300
	TTTGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAACAT ATCATTACCA	360

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCCGT	660
	CGCTCATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
	ATAAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
15	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTTA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTCTG	1260
	TATTAATGAT TCATTTTCGTG TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
35	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
40	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160

55

GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT 2280  
 GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG 2340  
 5 GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAAATAC ATTGTTAACA 2400  
 ATTAACG 2407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2424 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

ATGATGnATG GCnCCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC 60  
 GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTagCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA 120  
 GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT 180  
 25 TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA 240  
 TATCTTGGTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTTGT TTCTGATGAC 300  
 GAAATTGATG ATGTTGTTGA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA 360  
 30 GAAAAAGAAT TGTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGT 420  
 TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA 480  
 ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG 540  
 35 AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATTT AAATAAAGAA 600  
 TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTTGTGCGA ATTAAAGGTT 660  
 CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG 720  
 40 ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC 780  
 CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTCGCGA 840  
 45 GTAGCCaTGA AGAAAtAGTA CGTGCACATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG 900  
 ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAGTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA 960  
 AAACCTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT 1020  
 50 TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTCGCT TTTGAGGCAT 1080  
 GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG 1140

TGGCACATAA TGTAAAAA GGTATTATTG CTTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA 1260  
 TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC 1320  
 5 AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTTGATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT 1380  
 ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTAAATGCA TTAGCTGTAA 1440  
 TTGCGATTAG TTATTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT 1500  
 10 TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG 1560  
 ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC 1620  
 CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT 1680  
 15 TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCATTATGT GAAATTTTGT 1740  
 GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG 1800  
 20 GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTGAT AATGCTGTTA 1860  
 TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAA AATTACAAA TGCATATTTA GATAAATTAG 1920  
 GCATGAAAAA TCGTTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG 1980  
 25 ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA 2040  
 ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT 2100  
 GTTAAGAAAA ACTTAGATTA TGTTGCAAAA ACACTTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA 2160  
 30 GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTTACTT CATAAAGTAA ACCGTTTAAAC TGAGGATATC 2220  
 CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAACCTCAGTT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CGGTGACTCA 2280  
 GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT 2340  
 35 CAAATGAAG ATAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA 2400  
 GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC 2424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 738 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

50 CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT 60  
 GTGGGTAGTT TTTTAGTTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA 120

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240  
 GTTTCAC TTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300  
 5 GATAGTTTTG ACATTTAGTT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360  
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATTG 420  
 CATTTCCGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAACTG 480  
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAT 540  
 GAAGAAATAA TAAACTTGTT AATAAATAAA ACATCACGAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600  
 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTAA TAAATCAGCT 660  
 15 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTGT ATAGTTGGAT 720  
 TTTGCAAAAT TGATGTTA 738

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1270 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:

30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAACTATT TATATGACTA 60  
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAACAA 120  
 CTTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTCAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180  
 35 AACGTGCAAT GGA CTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240  
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300  
 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360  
 40 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTACT TAAAAAGCG CTAGAACAA 420  
 ACCTGAAACC TGTGTTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480  
 45 TTGTAGATGA AGTTTTAGAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540  
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600  
 ATGATAATTT ACAATCATTA TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660  
 50 AACAGTGATG AGCCATTAC AATTTCCAAG TAGCATTGTT GGA CTACAAT GATTATGTTG 720  
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

55

GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA 900  
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960  
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTTG 1020  
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080  
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140  
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200  
 AATTACAAGT TTCAAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260  
 CATTGAACG 1270

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1365 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACaMGTA AACAATATAC AGTTGaATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60  
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTAAG TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120  
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGAc CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180  
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240  
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT 300  
 35 CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360  
 GTCATTCATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTtagGA 420  
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA 480  
 40 GTGATTTGCT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540  
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600  
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660  
 45 GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720  
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780  
 50 TACCAGATTT TGATGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTTGA AGAAAATGCT ATATTAAAAT 840  
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTAGAAG 900

GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG 1020  
 CGCAATTTGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTAAAG 1080  
 5 GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGGTTTC GGATATGATC 1140  
 CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG 1200  
 GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA 1260  
 10 AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA 1320  
 ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTTACATT TAGGA 1365

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1383 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25 AATTCCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCGG AAAATATGAT AACTCGTAAT 60  
 CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAACT ATCTGATTAA CCCCTCCTGG 120  
 TGCTGCACCA AGaACAATT CATTAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC 180  
 30 CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT 240  
 ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG 300  
 TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTT AAACCTGTAG AAAAATTCCA 360  
 35 AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT 420  
 AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC 480  
 TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTTAACTT TCCATTGCGA TGCATGTTAC CATCATGAAA 540  
 40 AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAAAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA 600  
 GCTAACAACT AACAAATTAG CACGTTTGTC TTGTTAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG 660  
 TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTTAAA 720  
 45 AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG 780  
 CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTCGTAAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC 840  
 50 TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC 900  
 TTTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA 960

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080  
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGACTACAA AGCATATATG 1140  
 5 GaCTTTCACT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAAngAG CCTGAACAAA 1200  
 GTTCAGGCTC TCAATTTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260  
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320  
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TGnCATTCTC GGTACATTTC TGCAATAATT 1380  
 TCC 1383

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 415 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

25 TCCACTAAna TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60  
 ATGATTAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120  
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180  
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCCGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240  
 CAATGCTAT TGTTAACGCA TTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTT GGTGCAGTAG 300  
 GTATTTTAAT GGckGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360  
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1141 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

55 TTTTAGaTaA aTyCAATTnT CyATaCTaAA TgATTnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60  
 aTTTTATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120  
 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTTGTGA TTTGTTCTAC TTTTTCATCA 180

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300  
 CCTGCCACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360  
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTCC GAACCTTTCT 420  
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480  
 TTTTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540  
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTT AAACCCACGC 600  
 TTCATTTTTT GTTTGTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660  
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720  
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780  
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840  
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900  
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960  
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTTCTGCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020  
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGtK 1080  
 TTAAATGTTT TTCTATTAAA TCGTTGTTTt CCAtTTCGtK TaaAAATGtT CyTATATTCC 1140  
 T 1141

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 706 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60  
 CTAATAACAC ATATTTAACT TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTTAT GTTGAAATGA 120  
 ATATTGTATG ACAGGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180  
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAAA 240  
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300  
 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360  
 50 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540  
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CCGTGCCTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTTATTATA 600  
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTCTTCTA TCAAACGTAA AAGTACATT 660  
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1187 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

20 ACACAATCTG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60  
 ATGAnAGAAA TCAGTGATTT TGTTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120  
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAaAAC 180  
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240  
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300  
 GATAAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360  
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTay aCGTTTACAA TGATTTTTCa GATCATTACC 420  
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAActAATA ACTTGCTtCG TTCTAAAAGG 480  
 35 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540  
 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACaAGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600  
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660  
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTCTTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAAACTTC 720  
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTTC TTTTTATCT 780  
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840  
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTATCA 900  
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCTTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960  
 50 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTCGCCCAT AAATTCCAT TTCGTGTTAA AGAAAAAATT 1020  
 TCACTTTTAG TTCTATTATC ACTATCATTa GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCCATA 1080  
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 847 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

```

CCAGAATTAT TTTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA      60
CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAaGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA      120
ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA      180
AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTTTATT      240
GAGGCATATA AAAGTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAAC TTT AAAAAATAAT      300
ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCTTGTTG GTTCGATTAC AGGTGCACCG      360
AAACTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC      420
GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTTTAAT ATTCCGATTC      480
GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG      540
ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT      600
TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA      660
TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGa GCGATTAAAC TTTAAATTTG ATGAACATGC      720
ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA      780
AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG      840
TAGTTTTT                                     847

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 740 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

```

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT      60
GTATCGTCGA TTAATTGCTT CTAAGTTAAC AAGCGTTCCT GAAAGtTTAT CATCATGAAA      120

```

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240  
 GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300  
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360  
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TCGGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTGAG 420  
 CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480  
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAT AATTGAAGTT 540  
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaAAGGG ACAATAAATA 600  
 15 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660  
 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720  
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 630 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60  
 TATAATTTTT TCTTTGTTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120  
 35 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180  
 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240  
 AAAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300  
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360  
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420  
 GAAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTAATAAAAT GACATGAAAG 480  
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAAGGATC AAGTTGTAAT 540  
 TCGTCACTTT TACCTGTTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600  
 50 GGTACTATCA AACGTTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6254 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

	ATTTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGGAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTTTGTG GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGGAAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTG AACAAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
25	ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
	ATTCTCAATT GCGGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT	720
30	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCACAA TAAACCGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTAAAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCATTAC TTATTTTATT CTCATTTGTA	1140
	CCCATTGGTT TATGGATTTC AGCGTTAgca GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
45	GTTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACAACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTgcTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTGGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
	GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTTGGTGGT	1560

55

	AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTTAAGC	1680
	AAAGGTTTAG ATTCAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT	1740
5	ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT	1800
	GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA	1860
10	GCGCGTGAC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT	1920
	ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTTGAAAAAT	1980
	ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT	2040
15	GAGTCACCTG AACATTAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT	2100
	CATATCAGTG ATCATTCTTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA	2160
	AAATCAAAAG CCACCTCAAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT	2220
20	TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA	2280
	ATCATCGAAA CGAAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA	2340
	AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA	2400
25	ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG	2460
	ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA	2520
	TGATATTAAA ACGATTGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAAT	2580
30	GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT	2640
	GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTGACTA AATCAGCGTT	2700
35	CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC	2760
	AAAACAATTA TAAATTTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTTGTTTTTT	2820
	TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT	2880
40	ACAGCAAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA	2940
	AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC	3000
	AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT	3060
45	GAAAAGGAGC GCGTGATGCT CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC	3120
	TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTTAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT	3180
50	CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAAGC	3240
	GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA	3300
	AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT	3360

55

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAgGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AAATGAAAAT GTTTTTAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAACCTCAAAT CGATTTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGGACT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCagACATC CATTGGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATGAA GATTTATTAG AATTTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTTCTGTT ACATTTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAArGwTAAr GTTmCaGATG tAaTCyCaTT tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
	GCAAGrACAA GCAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
30	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACTTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGA TATTTATACT CATTGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGTA CTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTTCGC CATACAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAAmCGAA AGACgGTAGA ACTTTTTATG GTACCAATGT	4980
50	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAAtAACT GTAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
55	ACCGTCATCA CCTGTGGTG CATGTCGTCA AGTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

	ACCATTGGA TTTTCAGGAA AGGATTTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTTGT	5280
	TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA	5340
5	TAAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT	5400
	GACAAGAGAT GACGCGCAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA	5460
	CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT	5520
10	CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT	5580
	GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCAATC	5640
	AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT	5700
15	ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA	5760
	TTTACCCGAA GnACCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT	5820
20	TGTAGTGGGT GAAATCATTC GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA	5880
	TGCGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA	5940
	AGCAACTATA TATGTTGAAA GAsGTTGCGA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA	6000
25	AAAGTTAAAA GAAGTAGGaA AAcGTGCGAG ACGTGAtATA GaAATGctTC TAGGCTCTAA	6060
	AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT	6120
	TCGCCAAATT GGTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT	6180
30	AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT	6240
	CACGATTTTA AATG	6254

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3710 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45	GTGTGTTCTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTTGT	60
	TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT	120
	CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA	180
50	ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTGTTGAA ATTCCATAAA	240
	TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA	300

	TGTATTTGTT	CAGCTAATGG	AAAACGACTA	TTTATCGTTG	AATGGATATC	TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC	TCGCTGTAA	AACTGCAATT	TTTTTAGGAA	ACTTAGGTAT	TGATTTCTTA	480
5	TTCGCTTTAT	CAAAACAACC	TTCTTCAGTT	AATTTTTTCT	TTAATGCTTC	TAATTTTTGA	540
	TATAAGTTCC	CTATACCATC	TAATTGCATT	TTATTTACAT	AAATTTGATA	GTTTCCACGA	600
10	CGTTCAAAAA	CAGAAACACG	TGCTTCTAAT	AAGACTTCAT	CTCCTTCTTT	AGGTTCGAAG	660
	TTTAATTTAG	AAGCACTACC	TTTGAACATC	ATGGCACTTA	TAACGCTTTC	TTTATCTTTC	720
	ACATTAAAGT	ATAAATGaCC	ACTTGaATGc	TTTTTGAAAT	TTGAAAGCTC	ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT	GGAGATGTGG	ATCTTGATCA	AATTTATATT	TAATATATTT	CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA	AATAATCTGA	CATATAACAT	CACTCAATTT	TATTTTTTTA	TATTACTCAA	900
	TACACCATT	ATAAATTTAT	AATGATCATC	ATCACTGAAT	TGTTTTGTTA	ATTCAACTGC	960
20	TTCATTCATT	ACGACTTTAG	CAGGTGTATC	ACTGTGTAAT	ATTTCATATG	TTGCCATTCT	1020
	TAAAATAATA	CGATCCGTTT	TTAATAAACG	TGCAATAGTC	CAATCTTTTA	AATAAGGACT	1080
	AATTGTCTCG	TCTAATACAG	GTTCTGTATC	TTAACGCCA	GAACTAGCC	AATGAATAAA	1140
25	TTCGAAGTCT	AAATCTGGAT	TATCGTCTTT	AATAAAGCTT	ATCGCTTCAT	TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC	TTCATTTCTA	ATTGAAATAA	AGTTTGAAAA	GCTTGCACTC	GGGATTCTTT	1260
30	ACGACTCATT	TTTAACTCCT	TCAAACGTTT	GTATTTTCT	TTATTTAATT	ACTGAATTAG	1320
	GTATGACATT	ACTTTTCAAT	AACGATTTGT	GTAATGTGAA	TATTAATTTG	CTTAGGTTCT	1380
	ATCGCTGTCA	TATTAGAAAT	TGAATTAAAA	ATTGACGTTT	GAATTTTGTT	TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA	CACCATGTTT	TAATGCACAA	TATACATCTA	TATATATGCC	ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATTT	TTAAATCACG	GCTTAAATTT	TTACGACTAA	CTTTTTCTAA	ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG	CAAAATGGCC	AGTGATGCCT	TCGACTTCCG	AAGTAGCTAT	ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA	CTTCTGGCGC	TATTTCTACT	TTACCTAATT	TTGAATTTGA	ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA	TGGATTGACC	TCCTATTAAAC	CTTCATCATT	CATAATGCTA	TTTTGCTCTA	1740
45	AAAAGTTTGT	ATTAAATTTA	CCGCTTCTAA	ATATATCGTT	ATTCAATAAT	TTAATATGGA	1800
	ATGGAATAGT	TGTATCAATA	CCAAGAACCA	CAAATTCACT	TAGTGCACGA	ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC	ATCTCGTGTC	GGTTCATGTA	TGATTAATTT	CGCTACCATC	GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT	CGTATAATTA	GTATAACATG	CTGACTCTAT	TCGAACACCA	TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA	TTGCTCmATT	TTACCTGGTG	ATGGCATAAA	GTTCTTGTA	GGATTTTCAG	2040
55	CATTAATTCT	AAATTCAATT	GCGTGTCCCTG	TTAATTTAAT	ATCTTCTTGT	TTATACGGTA	2100

	CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTC CATAAAATAA AATTTATTAT	2220
	CATTTAAATC ATATATAAAC TCAATTGTTC CCGCATT TTC ATAATTTACA GCTTTCGCTG	2280
5	CACGAACTGC GGCATT TCCC ATTTACAGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG	2340
	CTTCTTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCACGTTCT CCTAAATGAA	2400
10	TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA	2460
	ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCATTC	2520
	GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC	2580
15	CAGCAGTAGC TTAAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTT GGCATT TTC TTAGCTTCTG	2640
	AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAAC TGG AACATTGGCT TTGATCATTT	2700
	CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATAACTT GGTCCAATGA	2760
20	ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT	2820
	AACCCGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT	2880
	TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG	2940
25	TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC	3000
	GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTC	3060
30	TTATTTACCC TTAAATAACG GTTGCCATA CTCTACCATT TGTCCGTCTT CTAATAAGAT	3120
	TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTCATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA	3180
	AATACACACT GTTGTTCAT TTGAAACAGT GTCCCCAACT TGCACATATG CTTCTTCGTC	3240
35	TGGAGATGGC GATTTGTAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC	3300
	TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG	3360
	CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT	3420
40	TTCTTTCTTA AGCGTCACTT TGCCTTTAGT ATCTTCAATA TTGATTCCG TTAAAGTTGA	3480
	TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT	3540
45	CAGTTTGT TT TCATCTACCC GTCTATTTTA CTTGAGACAA CTCTCAATT CAAGCATGTT	3600
	CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAAACCAC ATTTTAAATT	3660
	AAAAACACTT GTGTATTTAT TACTTAACAT TGAATCATCT TAACTCTTGA	3710

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1705 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATG TTC GTTGCC TTTn TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTTCA TAACGATTTA ACATATGTTC TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTG GTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATwATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTTTAATGTA ATAGAACCTT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TCGCCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTTAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
	ATCTTAACTT CATTCCTTT AGGCTTTGGC ACTTGATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
20	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCCCTAC CAACAGTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTCA ATGCGTTTGA CAAAATTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAAACAT AATCATCCAC TTTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTCTATA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGtGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTCATGCA TGTTC AATTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTTAAATTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAATAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTArTGCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA AtATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

GCACTATCCA TACTAATTTTC AGATA

1705

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1722 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTTAAATTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTTTGTGC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTGA TGCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTCAACAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
30	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAACC AGTATAAACG	540
	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTCGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC	1020
45	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACCGCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
50	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTAA TAAATTTTAA	1200
	TAAAATTAAA CTAATTTATT CATTCGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTATAGC CTTTCTGCGA	1260
55	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTCGC CTCGAAAGTT	1320

CGAAwTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TGC GTTCCTC 1440  
 CGTCTTCTTC AAATTTATTT GTnAGAAAGG CACCCAACTC TCCCTGTTTG TTAAC TTTCG 1500  
 5 CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCCTATG CATGAGTTGC GAA nTATCTA ATGTCGTGAA 1560  
 CTAATTATAT AGAAGAAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTT TACTCTACCA 1620  
 AACTCTCTTC GAAAGACAAT TTTCTCCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA 1680  
 10 TAGTACTTCC TTA CT TAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA 1722

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5521 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCAGT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG 60  
 25 GAAAGCGACc ATTyCAATAC GAaTTgTGAt AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA 120  
 ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGTTTTTTTGA GGGATTATG TCCCAGCCTG TTTTTTGTGA 180  
 TTTTAAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTTGTATAGA TTGTATTTAA 240  
 30 TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCAGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT 300  
 CGATACAAAG GGTTATTAAC TTTAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC 360  
 ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GGCGCGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT 420  
 35 ATGCGATTCT CATTTACTTG ATTAGATTG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAATG 480  
 TTATCTAGTA CATCACGAAC GATATACCAC ATATGCTTTT CTAAGTTTGA ATCATTTGAT 540  
 40 GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATTCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT 600  
 TTGTTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATTCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT 660  
 GTACTGTATA CCATTTCAAT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA 720  
 45 ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA 780  
 GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA 840  
 CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTCGCCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT 900  
 50 TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCATTGT TAAATGGGTA GGTTGCAACT 960  
 AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTTTTCTA 1020

	AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT	1140
	CTTCTCCAA AATATCATTT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGT	1200
5	CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAATTG ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTC TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG	1320
	TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCITTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA	1380
10	CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGGAAA TAGTTGATGA ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTCATTG	1740
	ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATtAGTtGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTTTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTTGG ATGGTGTACT CGTGTAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC ATCAATTCGA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT	1980
30	GCTTAGCTTG TGGGAAGTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA	2040
	AATCAGCACT CAATATTTTC TTAATTTGAG TGCGCGCTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAAATCATC TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTTGTTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTTGT	2220
	TAAATTTTAA TGTCTGTTCT TTAAAAATTA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTTGTATA ATCCATATTA ATGATAATGA yTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTtC ACTGCAATTC	2640
50	CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTAAAGTGCG GTTGAAACAC	2700
	CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw	2760
55	CATTTCAATC ATTCATCATT AATATTTGTC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCA	2820

	CAGTTTTATT	ATGCTTACCA	TTACATTTTA	AAGTAACTAA	AATACCTGAA	GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC	GTAAAAAGTT	ATTATAGATT	ACTTCAAATT	ACATATGGAA	GGTCGACAAA	3000
5	TATTTATAAC	ATCATTATTG	ATTATGGCGA	CAGGTTTTTC	ATATACGACA	CTTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA	CAAAGTATTT	CCGGGGAAAT	CTGAAATATT	TGGTATCGCT	ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG	TGGTATTATT	GCAACGCTAG	TTTTACCTAA	AGTACTTAAA	TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT	GTATTATTTA	AGTTCATTTT	TATTTGGCAT	TGCTTTGTTA	GGTGTGGTAT	3240
	TTCACAATAT	TGTCATCATG	TTCATTTGTA	TTACATTGAT	TGGGTTATTT	AGTCAATGGG	3300
	CACGTACGAC	AAATCGCGTT	TATTTTCAAA	ATAATGTTAA	AGATTATGAA	CGTGGTAAAG	3360
15	TACTGAGTAT	TaTTATGATG	GgATAGAGGT	ATGaTTCCAT	kGGGAAGTCn	ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG	ATGTGTTTGG	CATTGTTAGA	ACTTTTTCAA	TAATGGGAAT	AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA	TGGTATTCTA	TTTTATAAAT	AGAAAGTTGA	AGTTAAAGTT	GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA	TATCTTGAAT	GGGCAAAGGC	AGATAGAAAT	ATTCAATATC	GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT	AAAGAACGTA	TTTACCCCGA	GCAAACATTT	ATTTGCGAAA	AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT	CAGTATCATA	TGCATGTGTT	GACTATTGAA	GTTGTTAGAA	AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT	GAGTTTACAG	GTGATATTAC	TTATTTAAAT	AAAGGTGAAA	CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA	GAAGGTTTAT	TAGATGTGTT	GAATCATGAC	TTTGATATCC	CTATTTCAGA	3840
30	GCGACTACGC	GAAGAGTTAA	TACACAGTCG	AGATAGTTTA	GTTGAAACAT	ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA	CAAACGTTAA	TAAGTCmAAG	TTTTAAATTT	TCAAGGTTAC	CACAAGATAT	3960
	TAACTTTTTT	TcAkGGTtAC	AACATGTAAA	AGATAGTGAT	AAGACAGATG	ATTTAACTTA	4020
35	TTCTGAGAGT	TTGGTACCAG	AGGGGCATCC	AACACACCCT	TTAACCAGAA	CGAAATTGCC	4080
	CTTAACATATG	GAAGAAGTAC	GAGCATATGC	ACCTGAGTTT	GAAAAAGAAA	TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG	ATTGAAAAAG	ACCATGTTGT	GTGCACAGCT	ATGGATGGTA	ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT	GAAATAATTC	CCGAATACTA	CAATCAGATT	CGTGTGTTTT	TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA	AGTGAAGACT	ATAGAGCGAT	TTAGTACAT	CCTTGGCAAT	ATGATCATAC	4320
45	GATAGGGAAA	TATTTTGAAG	CATGGnTTGC	TAAAAAATA	TTAATTCCAA	CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA	AAAGCaACTT	aTCatTTaGG	ACGATGTCTT	TAATTGATAA	ACcATACCAT	4440
	GTTAAGTTGC	CCgTCGATGC	aCAAGCAACA	AGTGCCGTTA	GAACAGTCTC	AACTGTGACT	4500
50	ACTGTAGATG	GACCAAAGTT	AAGTTATGCT	TTACAAAACA	TGTTGAATCa	ATATCCaGGA	4560
	TTTAAAGTTG	CTATGGAACC	GTTGCGTGAA	TATGCAAATG	TTGATAAAGA	TAGGGCACGT	4620
55							

AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA 4740  
 GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTTATTGA ACGATACGCT 4800  
 5 CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATTGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA 4860  
 CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACTTGGGG CCACATTTTG ACaTTCAATT TTTAGTGAGA 4920  
 GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTTAGAA ACATTACAAC ATCGTGTATC AGATATTAAA 4980  
 10 ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGCAAA ATTCCAACAT 5040  
 GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT 5100  
 15 GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA 5160  
 CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG 5220  
 TTGTTAAATA TGAGAATGGA AAATAAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT 5280  
 20 CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT 5340  
 AAaTATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTCACACCA 5400  
 GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAGC GTTAGGTATC 5460  
 25 AATCATGTTG CAGAATCCAG ATTGGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC 5520  
 A 5521

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1261 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40 AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CCAAACACG ATGATGATTT 60  
 TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTTC aCATTGCCAA TGTCTGTATT 120  
 TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA 180  
 45 ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGGTTT TAATTTAAAA TAACTAAGT 240  
 TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA 300  
 TGATTAATA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT 360  
 50 GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA 420  
 GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAAAC GTTGGCAATT CATATCAATA 480

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAAACTGAT CAAGCAAAC TAAATAAAAT TGAAAAATGTG 600  
 TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AACAGGACT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660  
 5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAAGAA 720  
 CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780  
 CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840  
 10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCATTACT AAAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900  
 GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTCGT GGTAAAGAAA AACTGAAGT CACTTTAACT 960  
 GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020  
 15 AGTGTTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080  
 GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140  
 20 ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGACTACTAG ATGAAGCTGT TAAATGGCA 1200  
 AATATTTTTA TCGATAAAGG AAAAAGTGT GTTAACTAG AaAAAGGTAA AGATACTGAA 1260  
 G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2488 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

35 AAATATATTG AAnAGAnAAT TACTAAGATT AAATChTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60  
 TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120  
 40 GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTTAT TTACTGGATG GGAAGATGTT AATTTATCTG 180  
 AACAAAGGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240  
 TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300  
 45 CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360  
 ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420  
 TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480  
 50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATTCTG 540  
 AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTCACAAT 600

55

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAAtA TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA	900
10	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTAAAAC AATTATTTTCG CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTTcATCTC TATCCCTCCT TGTAATATA TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
15	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTG	1140
	GAAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGGA TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGAATAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTGTCCTG CGCTTGTTAT ACAACGTTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCACTTTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
30	GATGACAACG ATTTTGATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
	TGGTTTGGA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGTT ACCTTGTTGA	1680
	ATATTTTAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTCGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
35	AATTGGaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAAGTACCTA TTGATTTTAT	1800
	TTCTGTCATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTATTG tATGGAACGA GTTCaATTtC	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGtATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTCGAAA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTCGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
50	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
	GTTTATGCGA TTCGAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
55	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA	2400

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1105 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
AAAATTGAAA AAAC TAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA	180
AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGAT TAATTTGTGC	240
AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
AACTAAAACT GACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGTAATA GTCAGTTTGT	420
ATTGATTAT AGCTAAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTAAAT CTTATTTTGA CGGCCTTTGT	480
TTAAGTAAGT TGTTATATAT TTCTTTGAGT TGTTGTTTAC TTTTAGATGT CGTTTTTGGT	540
TCGTAATAAA TTTTGTTTTT TAGTTTATCA GGTAAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
TGTCCATCTT TTAAATGGTT TGAATTTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
GCTTGGCTTA GTGGAATCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
GCAAGTGTTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTGGGA AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 579 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5 TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA 60  
 TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT 120  
 ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC 180  
 10 ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA 240  
 ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTACG TGCTGAAGAC 300  
 TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTT GTTGCTCGAA TAATTCTTCT 360  
 15 AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTTGAGCT AACAATTCTT GAACTTGTTT ATCAAATKGA 420  
 TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG 480  
 ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA 540  
 20 TCTTCTACTT CGTTAATTTT ATCCATCATT GAnCAAAAG 579

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1342 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGACTTACAT 60  
 35 CAGGTTGAAC TGTCATCTTT TTAGTTACTT TGTTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTCTA 120  
 GGTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CtTGATACTy CTCTTGATAT 180  
 TTCCAGCTT TAGCATTTGA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT 240  
 40 TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGTT 300  
 AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTACTA 360  
 GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCAA AAACATTGTT AACAGATAAA 420  
 45 AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTTACT TTCTAGCATA 480  
 TTATTTTACA CCTTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTAGCAA GCAACTCTTC 540  
 50 AAAAATTTTCG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC 600  
 AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC 660

TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT 780  
 AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT 840  
 5 TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT 900  
 TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT 960  
 ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG 1020  
 10 TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCATTGAA TAACGATATC 1080  
 GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT 1140  
 TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG 1200  
 15 ATAAAGTACA TACCAAATA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT 1260  
 GAGGTTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTCCATA 1320  
 20 ATACCCATTA TACCAATCAT TT 1342

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1073 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

30 CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA 60  
 ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT 120  
 35 AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG 180  
 TGAtCTkTTT TTTCGTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA 240  
 40 AGTTTAAATA TAGCTTCAnA TAAAAACGAT AnATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC 300  
 TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAGGTC ATTCTGTAGC 360  
 CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG 420  
 45 TATTAGTGTT TCTAAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AnAGAGCAAT 480  
 ACGTGAAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC 540  
 AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT 600  
 50 TAAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAnAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAAC 660  
 ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG 720

55

TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTTCG 840  
 ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT 900  
 5 AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG 960  
 TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGTtAA GAGCGCCAAR AACATTTACA CGCGArGATA 1020  
 10 TTATAGAgAT TAATTGTCAT GGTGGtATTk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA 1073

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT 60  
 AAATGGCAAA TGGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA 120  
 25 TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT 180  
 GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG 240  
 CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTTAA TTTCATTAAAT ACCCCAGTTG 300  
 30 AAATTGTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA 360  
 TTACAAATGC TTGGAAATAA CTGATTGAT CTACTGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG 420  
 AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG 480  
 35 GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG 540  
 GCACCATAAC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT 600  
 40 GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTTGTGTT TACCAATATG TAAAATCTCT AAGAAGCGTT 660  
 CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA 720  
 ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA 780  
 45 TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA 840  
 TACCTTTTaT TAATTCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATTT 900  
 ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTTAAAGACA TGCTAGTTAT 960  
 50 AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AAACCTACAAT 1020  
 ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT 1080

	TTCTTGGTCA	GTACTGGTCT	CGGCATAATC	GTTATAACGC	AAAATATTTT	AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA	AAATTATAAG	ACATCAATTT	CAAGGTTTAT	GGATTGTATT	ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT	TACTTTTAAG	AGCAACTGTG	CAATTTCTAA	ATCAATGGTT	AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA	AAGTTAAGCA	TATGCTTAGA	CAGCGGGTTA	TTTATAAAAA	TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG	AACAAATGAC	TATACTCACA	GAAAACATTG	ATGGTCTAGC	ACCTTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT	TGCCTCAAGT	GTTCAAATCA	ATGATGGTTC	CGCTCATCAT	AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA	TCCATTTCAA	TACCGCATT	ATTATGTTAA	TAAGTGCACC	ATTTATTCCT	1560
	TTGTTTTATA	TTATTTTCGG	TTTGAAAACG	CGAGATGAGT	CAAAAGATCA	AATGACTTAT	1620
15	TTGAATCAAT	TTAGTCAACG	GTTTTTAAAT	ATTGCTAAAG	GTTTAGTGAC	GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA	CAGAGCAAAC	AGAGAAGCaT	ATTTaCGACG	ATAGTACTCa	GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAATGC	GCATTTTaCG	CAGTGCCTTT	TTATCGGGAT	TAATGCTCGA	ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA	TTGGATTGGT	TGCATTGGAA	GCAACGCTAA	GCTTAGTAGT	ATTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA	AACTGCGGC	AATTGCGATT	ATTTTAGCGC	CTGAATTTTA	TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG	GGCAAGCGTT	CCATACTGGA	AAACAAAGTG	AAGGTGCCAG	TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT	TAGAACAACC	GAAGTATAAT	AATGAATTC	TATTAAAGTA	TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT	TTATTCAGTT	AACAGACATA	TCATTTTCGAT	ATGATGATT	TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG	ATTTAAATTT	GGAAATATTT	AAAGGTGATC	AAATTGCACT	TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCAG	GTAAATCCAC	TTTGACACAT	CTTATTGCAG	GTGTTTATCA	GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA	GTACAAACCA	GCGTGATTTA	AATATAGGAA	TACTTAGTCA	ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG	CTTCTATAAA	AGAGAATATT	ACGATGTTTA	AAGATATAGA	AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG	TGCTAGACGA	AGTAGGTTTA	TTAGACAAAG	TGCAATCTTT	CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA	TAATAGGTGA	AGGAGGCGAA	ATGTTATCTG	GTGGACAGAT	GAGACGCATA	2460
	GAAGTTTGCC	GTCTTTTAGT	TATGAAGCCA	GATCTCGTTA	TATTTGATGA	GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA	TTCAAACAGA	ACACATGATT	CAGAACGTTT	TGTTTCAACA	TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA	TTGTCATTGC	ACATAGAGAT	AATACAATTC	GCCATTTACA	ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA	ATGGAAGACT	GATTGCTGAT	GATCGCAATA	TTTCAGTAAA	TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG	ACTTATGAAA	ACACGACTAA	AATTTCAAGT	AGATAAGGAT	TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT	TGGTGTTTGT	GGAAGTTTAG	TTGCGCTCGC	CATGTTTTTC	TTAAGTGGTT	2820
	ATATGGTGAC	ACAAAGTGCA	CTTGGTGCGC	CACTATACGC	TCTGATGATT	TTAGTCGTTA	2880

55

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000  
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTTAATTTCA CGTATGATTA 3060  
 5 GTCGTGTTGA GGCATTACAA AATATAKATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120  
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCG 3176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2109 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

20 TCTTTATTTT AATTTCCAAT TGAATTTTTT TATTATTTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60  
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACTTCCT 120  
 AATTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180  
 25 ATAATATTGC CTAATAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240  
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300  
 TTTCTATTTA TTTTGCCTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360  
 30 CAAATTATTT TTATCCAAAT ATTTTAAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420  
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480  
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AGAATATACA CATATTATTA 540  
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTTAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600  
 ATATAACTTA CGAACTAAAC ATAATTTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660  
 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTGCGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720  
 40 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCATTTAGC TGACTTCTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780  
 TTTAGAAAGT AAGGTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840  
 45 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900  
 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960  
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTTTAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020  
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTGTGTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080  
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140

	ATTCATTGTA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTT TATCAGCAAC	1260
	AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTTG TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCACCATT	1320
5	AGAATTTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTTG TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT	1380
	CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TTGTTGTATT	1440
	AGTGTCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTTGA TTTTGTTC A TCTTTTGGAG TATCATTGCC	1500
10	ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTTCATAAT	1560
	ATCACTCTCT CTTCTATTTT TTGAAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT	1620
	ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTAAAA TTAATCGTCA	1680
15	TGCGTTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA	1740
	TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAAGT	1800
20	TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT	1860
	AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT	1920
	TCGGAGTTGA TCATCCATTC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT	1980
25	CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TTAAAATGAA	2040
	TAAAGCagCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATat GtKATTGTTT TTAAAATCGT	2100
	TTCAAAAAGA	2109

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 813 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40	GTTACATAAA TGAAACAAA AAAGATAATT TTAGTGCTTA TGCTACACCA GAACATAATT	60
	ATCAATTGGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA	120
45	ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAAGAAG AGTCACTAAA	180
	GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG	240
	TATATGTACA GTTTCTACGG TCATGCATTT TAAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA	300
50	AAAAGCGATT TACTACAAAG AACACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC	360
	TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAAACAA GTCCTATGGG	420

55

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540  
 ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600  
 5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660  
 TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCA 720  
 10 GTTTGTACA GTACATTAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAwT AaTAGTTTGG 780  
 CCATTATAAG AACAAATATAT ATCGAnTAAC AAT 813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 640 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60  
 25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120  
 TGTAGATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180  
 AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240  
 30 GTCATCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300  
 GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTTAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360  
 ATTCATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420  
 35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTAA CTTATCAAGT AATTGATTTA AATTGTCTAA 480  
 TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTGTC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540  
 40 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600  
 GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCCnnT CAAAATAAT 640

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAAC 120  
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180  
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TGCCTCAGG 240  
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTC 300  
 TTCTATTTTA TTTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360  
 10 TAAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420  
 TCCTTGAGCA AGGCCGGAAA CAATTGTTAA ATATTTGCTT TTATCATTTG ATAATAAAAA 480  
 TTCTAAAGAC TGTGCGGTAT AACTTGTAGA ATCTCTTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540  
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTTCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600  
 TTCTTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAACCTA CTTTTAATTT 660  
 20 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720  
 TAAATGAACA TTTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780  
 CTCCTCTTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAAATTGA TGAATTTGTT TAGTCGAAAA 840  
 25 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTTAATCAAT AAATCAACTC CTTTTTGTA 900  
 TCATACAAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTTCTAA TACAAAAACA TTGTCGATGT 960  
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TTA AAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020  
 30 TTAAAATTTT AATTTCCAAC ATACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTTGCAAATT 1080  
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTGTTGATGA AATCACCAAT TAATTCTTCA ACATGTGCAT 1140  
 TAAAACCCTT TTTAAATTG 1159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1879 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

45 TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGGTCT TCAAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60  
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120  
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTTAATTTTG TTTTAATTA ACTTTAGTAA 180  
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

	ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTTTGAAG TCATGTCTGC	360
	ATTTGGAACT TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT	420
5	CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT	480
	AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAAA GAACGTATTC AAATAGGATA	540
10	ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACTTAG ATTGCTTTTT	600
	TAGTTTGTAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AACTAGTAA	660
	CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC	720
15	GTCAGATATG CATAGTCATT TCTTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG	780
	TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG	840
	AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGACCTT ATAAACGACA	900
20	TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA	960
	ATTCAAGTTT GGTTTATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT	1020
	ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT	1080
25	TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA	1140
	AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA	1200
	ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTTATCA	1260
30	TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC	1320
	TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA	1380
	AACAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCAAG GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA	1440
35	GCTTGTACAT CTTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT	1500
	TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC	1560
40	ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT	1620
	GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTCGCAATT	1680
	ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTTGA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT	1740
45	GaACGGAGAG AAGGGGTTGA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC	1800
	ATaTCCAGAT aAGCCatGGG tATGACAATT aGTGGTCAAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT	1860
	ATAGTTATTC ACCATTAGG	1879

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
  - (A) LENGTH: 2710 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

	AATTCCCCCT TTTTCCCCT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAATTATt TTAAAGaTTA TwACTACTCT TtAATCATTt TrGTGAATTA	120
	AAAAAAGTAG TGCAAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTt ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTtACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCCTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTTAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTTAATAT TATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TGnTTTCTGG CTTGATTACA TTACnATTtA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGACTCTTCA GGTATATTTA AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTTTA CTTATTGCTG ATACTGAACC TACCGCAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAC ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTGTTCa CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCTTTG TCCAAATGTT GATGGTGCAC CTATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CCTTTGCTCT ATGTAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTTTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAAGGT TCTTCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAAAAC TTCCTGCTTT TTTTAATACA CAAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTtAAA GTGACCAAAC CCAAATAAA GGAGACAAGT GCGCCTATGT GTAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAAA GGAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGTTA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AAACATGGTA AGCGTGTTTC	1500
	TCGTATTACT TTACTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAAACAACG	1560

55

GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTA CTCAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAC 1680  
 AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATAACTGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC 1740  
 5 TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT 1800  
 GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATTT TTATAGATAA 1860  
 TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTT TAGA AAATAGAACT ACAAGATTCT TCGTGCCTA 1920  
 10 TTTCGAGCGA TTCGATT TAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA 1980  
 TGAACCCTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTTCTTAAT GCAGCTATTA TTTT TGACAG 2040  
 ATTCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA 2100  
 15 TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT 2160  
 ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTTAG TAAATACAGA TGGAATAAAT CTTT TAAGGC 2220  
 TTATAAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA 2280  
 20 CTCCTACGAA CTTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAATT 2340  
 TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT 2400  
 TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTTAA 2460  
 25 TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATAA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG 2520  
 TTACAGAAAT TTCAACAACT TTAAAGCAGC TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG 2580  
 30 AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAWA nGGGskCTAA 2640  
 AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC CnCCACATTT GGGGGAGGAC 2700  
 CTAAAAAAGC 2710

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1027 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45 CATTTTAATT GtTaAAATTC CAAAAAtGT ArGTGGATTw AAAGrAAACC CtGTGTTTTT 60  
 AAAAGGtACC ATTaAAATAg TTCCGATTGT ACCATCCCAC GTGAAAtTTT TagTAtTGCC 120  
 50 GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC 180  
 GCCCTCACAA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG 240

55

GGGTACTTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360  
 ACCTACGAAG TACTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGTTC 420  
 5 TCGTGCCAAT GGTTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480  
 ATCTTTTAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540  
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCTTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTACTG 600  
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGTA GcTACGCGCT GATACGATTT TTATCTAACG 660  
 CATTTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTT ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720  
 TAAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAACT AGTACATTAG GAGTTTTGTT 780  
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTTGAA 840  
 AAAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900  
 CGACATAAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960  
 20 GTGCTATTAA AATAATTGTt AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTArTA CGCTTTTAAA 1020  
 TCCATAA 1027

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 569 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60  
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120  
 GTTAATTAAA CAGTTCGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180  
 40 GAAAAAAGG CCCAAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240  
 ATTTATGTTG CAGCAAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTTAAGGTTG 300  
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360  
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAAACCTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420  
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480  
 GTGCGAGCTG CTTTTGGTAA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540  
 50 ATGTTGTCAT GTGGCCACAT TTGGTATTG 569

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

10	TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TAnGGCGGGa AAATAGGaGG	60
	TTATATAGTA AGTCATTTAA GTCGAATAGC CATCCTTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG	120
	CTCAATAGTT TGTTAAAGCC TTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT	180
15	TGTCACAAAT TTCAAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GGCGATAGAG	240
	TGTAATTTGA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGTA ATTTGGTAGC ATAATATTAT	300
	AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTTT AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG	360
20	TAAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTTGT	420
	ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCTTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT	480
	TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA	540
25	TTTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCCTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA	600
	aGaCTGTAAA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAA AGCCAGGTGA	660
	AACACGTTTA CAATTAGTTG AAAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT	720
30	TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTTCTT AATCGCGGCA AACCCTGTAG ACATTTTAAC	780
	AAGATTTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGTT CAGGTACTGT	840
35	ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTTGGTGTG CACCTTCAAG	900
	TGTTGACGCT AGTATTATTG GCGAGCATGG TGATACTGAA CTTGCAGTTT GGTCACAAGC	960
	AAATGTAGCA GGTATTTTAC TATATGACAC ATTAAAAGAA CAACTGGTA GCGAAGcTAA	1020
40	AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG	1080
	GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAAGCCA TTTTAAATAA	1140
	TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG	1200
45	CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT	1260
	GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAACAT TAGAAGATAC	1320
	ATTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTTAAGTATT AATTAGAAAT	1380
50	ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGTT GCACTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT	1440

	TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT CTGCATTAAT CACGAaGTAG AGCATGACmA CGAGGAATAA CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG AATGACGAtG TCTTGATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGGAATT TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAAcAATA TTTTtagACG GAAAGGCATA TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTAAAAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA	1920
	CAAATTAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTTAAAAT TTATGGCACA	1980
15	TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT	2040
	GATTcAGCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA	2100
	TTTTTTACAC CAGAATTATT TCATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG	2160
20	GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGGATGA CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCcCGG TAAATAACGA GACGTTTGTT	2280
	AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT	2340
25	ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTcGTA ATACATGCTC GTTCCCATTT	2580
	CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTTCT GAAAAGTTTA	2640
35	ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGGTACGTA	2700
	TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCAAATAG CTTGTTGAAT ATTTGCTTCT AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT GTCTTGACC AAATCTCTAA ATTGTCGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC	2880
	GTAATTGATA ATCTCTGAAG TCGTAACAA CATCGCCTTT CTTTtGACCA CTTATATAGA	2940
	CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TATGTTcGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG	3000
45	CTAAAATGAT GAGCGTGTCC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAAATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC	3120
	CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTTGG	3180
50	CGTGTCTCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG	3240

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

AGAACGAACC	TTTAATACGT	ACGTGTCGAC	CACGAAGTGT	CATGACAAAT	TGATAAAACG	60
AATAGTTTTT	CATTAGTTCA	TTGTCACATC	AATCACTTTT	GTkTCACCTT	TAATCACAGC	120
ATTTTCATCA	TAAATATTAA	TTGAAGCTGC	TTGATCAGTG	TTAGTAATTA	TAATTGGTGA	180
AATTACAGAT	TTAGCGTTAT	TATTAATATA	TTCAAGGTTG	AATCTTACTA	ATGGATCTCC	240
GACGTTAACT	TCGTCACCAC	TAGACACTAA	CACTTCAAAT	CCTTCACCGT	CTAATTGAAC	300
TGTGTCTAAA	CCGATATGAA	CTAATAATTC	TAATCCGTTA	TCTGCTTTTA	ACCCAATCGC	360
ATGCTTAGTT	GGAAAGACAT	TGTCAACACG	TCCTGCAATT	GGAGACACAA	CTTCTCCTTC	420
AGTTGGATTA	ATACCAAAC	CTTCGCCCAT	CATTTTTTGT	GCGAATACAG	GATCTGGAAT	480
ATCTTCAATT	TTCACGAATT	CTCCAGTTAA	TGGTGCATAA	ATTGCGATAT	CTTTCTGAAC	540
TTCTTTGCCT	TTTCCGAATA	ATTTTTTAAA	CATACTTTCC	ACTCCTACTT	ATCAAAATGT	600
GATATTAAAT	CGCCATAACC	CAATTCTTCT	AACTTTTCAT	ATGGAATAAA	TTGAATTGCA	660
GCGGAATTGA	TACAGTATCT	TAAGCCGCCA	CTTTCTTTAG	GTCCATCATT	AAAGACATGT	720
CCTAAATGAC	TATTTGATTG	TTCTGAACGC	ACTTCAGTTC	TCAACATACC	AAATGATTTG	780
TCGACTAATT	CTATAA					796

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

ATCCAGCAAA	TCTTTCTTAT	CACGTTCTGT	AATTTTCTTA	GTATCCATCT	TGATTAGCTT	60
TGATAACTTT	TCAGCCGTAT	CCAACATTTT	CGATTGTGTT	GTTTTTCGAC	CCCTAGTATA	120
TGTAATAGCC	ATTTTAGAAG	CATTATCAAC	TAAAACTTTC	CCATTTCTGT	CTAAAATACG	180

	ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTTGTTAATT GTATTTTGAA CGATTTTCATC	360
5	ATTTGATTTT TCTTTTAGTC TTTTAAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTCAC	420
	TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT	480
	CATTAAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTCGTCAAC	540
10	TTTTTCCCAG TTAACATACAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTTTTGATA	600
	TTTLAGGTAA TAAGCGTGT CCCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT	660
	TAATGGATTA TCTTGGTTTG GTGTAGTCAC AATTTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCAA CCTGAACCAA AGCGTGCAGC TGCTTTGTCA GCAAATTCTT TTTTAAATTC	780
	TTCTAAAGAA CCCCATGTGT CTTTAAATTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT AACTCCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATTT	960
	AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTACTGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTATGATG	1020
	TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTCTAATG CATCAAATGC	1080
25	GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA CAAGCAGTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTTAAATTCT ACTACTTATT	1200
30	ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACTCAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA	1260
	AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT	1380
35	TTATATTAAT CTGGCAAGA CTCACATACA CCATAAACTT CAAGTTTGTG TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT TTTCACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAAC	1560
40	TTCATTTTAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTTCA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTTGTATA	1680
	TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG ACAAAAATAT CTAACATATC TTTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTTGT ATTCATTGAT	1800
	ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTGCGAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA	1860
	AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC	1920
50	TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA	1980

55

	TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA	2100
	TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA	2160
5	TAATTCTTTA TAAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT	2220
	TGTTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG	2280
	ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACCTAAG GCGATACCAG CACTCATTAT	2340
10	AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG	2400
	CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTGG	2460
	CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC	2520
15	ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA	2580
	ACCTatCAAG ATAcCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAAATTCA ATAATGCATC	2640
20	TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT	2700
	TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA	2760
	ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA	2820
25	CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG	2880
	GTGATACCTT CTTGTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACTTAC ATGTTTTGCA	2940
	TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA	3000
30	GCAATCATTa CACGTGTGTTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA	3060
	TCACTTATAT TCACTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT	3120
	GTTTGGA AAA GACGTTTTGT CTTTGTTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT	3180
35	GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT	3240
	TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAATAACC	3300
	CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AwTGclAAAA	3360
40	ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT	3393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1123 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:

CCTGTTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCTTTTT GATTTGAGAT 120  
 TGTAAGCAC TGTTTTCACT TGATTGTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT 180  
 5 CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTTTTAAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT 240  
 ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAAACTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACTTTT 300  
 CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGGTTGTT GCTTCGGTAT ACTATTATAA 360  
 10 ACTGTTCGT CATATGGTTG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATTG CTCCTTATTT 420  
 AAGTATTTCA GCTACACGTA ATTCGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCAT CTAAATCTTC 480  
 TTCTGTAGCG GTAATCGGTT TACGATTAAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG 540  
 15 TATAACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTTCA TATCTTGGGA ACACCTGTTT 600  
 ACATAAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTCAC 660  
 20 TAATTCAATC GCTTGTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAGTGCAAT 720  
 TCGTAGTGCT TGAAATACTC GTTTTGCAGG ATGTCCGCCT TTTCTTCTTG CTTTTCAGG 780  
 AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTCGCG 840  
 25 ATGTGCTTCG ATTCTTCGAG CTATCTGTTT TGAAAATTTT TCCTCGCCAT AGCGATAAAA 900  
 AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAACAATT TCATATGCTG TTAGTTCTTG 960  
 TGTTCGGTCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG 1020  
 30 AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT 1080  
 GTTTAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA 1123

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 838 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

TATATCCTCC AnACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC 60  
 45 ACGTATTATA GAATCTTTCTg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA 120  
 ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA 180  
 AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT AGTGGTTTAC CAGATTTAGC AGTATTGGAA 240  
 50 CAAATGAAGG AAAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT 300

55

	CATTTCAAAA AATTTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT	420
	GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA	480
5	TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT	540
	AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT	600
	CGGACTAATG AATTCAATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTTGTTTAAAC TTCTTTTTTA	660
10	TTTTTTGGAA AATAAAGTTT TGAACATAAT AAAATTTGAT TATGTTTTAA CGAATTTTGA	720
	TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC	780
15	TGKATGAAGG TGATGGCGAT TAAAAGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT	838

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

	NGTGTTCAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG	60
	TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT	120
30	TAACCTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAAT TATTAAAAAT ATAACATCG	180
	CTTGTAACAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC	240
35	CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTAAATCTG	300
	GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA	360
	TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTTGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTTATTAT	420
40	CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA	480
	TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCCAC CAATATTTAA TATCACGAGG ATAATTAATT	540
45	GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC	600
	CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGaACAT	660
	ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC	720
50	CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA	780
	CATTATTTTA GTTTAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTGCGTGTA	840
55	ATTGATTTCA AGTCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT	900

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020  
 ACTGCTTGTC TTTCAAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080  
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTAAaCA 1140  
 GGtATTGCAA 1150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 797 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60  
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120  
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180  
 25 ATGATGGCAT TGAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240  
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGAA ATTTGACCAT AGAAAGCAAC 300  
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTTGAAGAA CAAAAATTAG 360  
 30 CATTTGCCAA ACAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420  
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTTATGAT GAAACGATTA 480  
 35 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540  
 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATACTTTy ATCAACTAAT AAATTATGAT 600  
 ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTTyTyAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660  
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TTCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720  
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nGCGGAAAAA 780  
 TAATAACnTT TTGGATn 797

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCATTTTCG	60
	ATGATTTTCGk CACAAATCGA TGCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TGCGTATTTTC	120
5	ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT	180
	AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT	240
	CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTTACTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG	300
10	CTTAATAATT GtTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG	360
	CATCCACATG ATTTTATTCC ATTTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA	420
15	CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT	480
	TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT	540
	GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA	600
20	GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG	660
	TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT	720
	CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT	780
25	CCTAGAGAAA TGGTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTTG	840
	ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTATATCA	900
30	TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT	960
	AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT	1020
	GCTAACAAAG AAGCATTTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA	1080
35	GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG	1140
	TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACGTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTTAACAGCG	1200
	TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGTTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT	1260
40	AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT	1320
	AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT	1380
45	GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT	1440
	AAAGATATGA TTCATTTCTC AATGAC	1466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2304 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAAATATAG AATCATTTAT GCTTTTTAAT ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180
	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTCAATT CCCACCTTAA TAGCATTTAT TAAAATTCTA	240
10	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360
15	TCCTAAAGAC AATGTATCCG CTGCATAATT CGaTGtAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TTGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540
20	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAATCG	600
	CTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAATAAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660
	TGTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720
25	TACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780
	TGGAATTTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTGTAGTG	840
	TCTATCAATC ATGTTGTTAT TTGTATATTT TAAAAGTGCA TTAAAAATAA ATCCTAAAAA	900
30	TAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA GGTAAAATAA TATTTGAGCC TCTTTGCAAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020
35	TGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTTT AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140
	TGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200
40	ATAAAGTATT TTCTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAAATAT	1260
	AATAAATGGA AGTGTTTGAC TCATAACCAT CATTGATAAT TTTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320
	CAATTCAACA GTAAACCAAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAACAAC TCCGACGTAA	1380
45	GAATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTC AAAACTTCTA AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTTTAG ACCTTCTTCT	1500
50	AAACTCTCTT TATCCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAT GACTACTCAG	1620
	AGGTTATATT CTACTAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAAAATCAA	1680
55		

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTA ACAAATAAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800  
TATTATTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAATCCA 1860  
5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920  
GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980  
TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040  
10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100  
TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160  
15 TCTACTGGTT GTTtGTGAT CTCTTCTGTT GGTGACCCT CGCCAACCTT TTCACCTGTT 2220  
AATGGGkTCA CTGTGAWTGG TGkTGTGAwT GTCyTACTTC CTGGkTGTCC TTCTTGTTTT 2280  
ACTCGCTCTT CACCAGGTTG TAAT 2304

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4733 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60  
GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120  
35 GATTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180  
AATGAGGAGT TTAATTCTTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240  
GGTATTATTA TTTATTTAAA TTSTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300  
40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTTGCAT TGTGTGTTCA ATAAAGATAT TTAAATATG 360  
GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420  
CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTTAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480  
45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540  
GGTGTACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTCTGAcGT AAAAAACAA 600  
50 ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660  
TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGAATATGG 720  
AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

	TTAGCTTGCG	GAGACCGTAC	GATAGTG TTC	TAATAATAGA	TATTCAAGGG	AAAGAGCTAT	900
	CGGATGATAA	CCAGATGATA	ACTCAAGAAC	CATGrTTTAA	GAGTGT TATC	AAAATAAGGA	960
5	GTGACTTAAT	TGAAAGATT C	TATATTTTGG	AAGAAAGCTT	TTATTyCTGT	TTATTTTATT	1020
	GTTGsGATGC	TGGTGT TTTCT	ACTTTTTTAGG	TTTTATATTA	AaACAGATAA	CTTTTCTATA	1080
	TATTTAATGA	GTATCTTCTT	AATTTGTTTA	GGAAGTCTT	CTATCATTTA	TAACTATAAA	1140
10	ACCAATCGAT	AAATATAAGT	ATGAAATGTA	TAAGTCACAG	TTAGATCTAA	GTCTTGCTGT	1200
	GGCTTTTTTAT	ATCTCCATAA	AACGACAAAT	TCAAGCCCGA	CATAAAACAG	CATTTTCAGC	1260
	CCACCATAAA	ACGACAATTT	CAGCCCGCCA	TTGACTAAAC	ACCACATCCC	AAAAATATCG	1320
15	TAACAATCCT	CTACATCAAT	CAATCCAACA	TCCCTCATAA	TCACAACGCA	CAAAATCTAT	1380
	TCATGCATTT	TTGGAATACT	TAGTATTACA	AATAACGATT	TTTATTTCATC	TAACAAAGGT	1440
20	TATATAATGT	ACTGAAGGCA	ATTTTTATGT	ATTACAAATC	TAATCGTACA	TGTAAAAATT	1500
	TGATAAACAT	CATTAATTTT	GCGTAACTAT	CATTAGATTA	CAAATCACAA	AGTAATTACA	1560
	TGTAATACAC	ATCTATACAT	CACATTTGAA	GGGAAATGaa	TATAAATGAC	TGATAAAAAAG	1620
25	TACTACTGCAG	CCGATATGGT	TATTGATACT	TTGAAAAATA	ATGGGGTAGA	ATATGTTTTT	1680
	GGTATTCCGG	GTGCAAAGAT	TGACTATCTA	TTTAATGCTT	TAATTGATGA	TGGTCCTGAA	1740
	CTTATTGTCA	CTCGTCATGA	ACAAAACGCC	GCAATGATGG	CGCAAGGTAT	TGGAAGATTA	1800
30	ACAGGCAAAC	CGGGTG TAGT	ACTTGTTACA	AGTGGTCCTG	GTGTAAGTAA	TTTAACTACT	1860
	GGATTATTAA	CCGCAACATC	TGAAGGGGAT	CCTGTATTAG	CGTTAGGTGG	CCAAGTGAAa	1920
35	CGnAnATGAT	TTATTACGAT	TAACGCATCA	AAGTATTGAT	AATGCTGCGC	TATTAAAATA	1980
	TTCATCAAAA	TATAGTGAAG	AAGTACAAGA	TCCTGAATCA	TTATCAGAAG	TTATGACAAA	2040
	TGCAATT CGA	ATTGCTACTT	CAGGAAAAAA	TGGCGCAAGT	TTTATTAGTA	TTCCGCAAGA	2100
40	CGTTATTTCT	TCACCAGTTG	AATCTAAAGC	TATATCACTT	TGCCAAAAAA	CAAATTTAGG	2160
	AGTACCGAGT	GAACAAGATA	TTAATGATGT	CATTGAAGCG	ATTAAAAATG	CATCATTTCC	2220
	TGTTTTATTA	GCTGGTATGA	GAAGTTCAAG	TGCAGAAGAA	ACAAATGCCA	TTCGCAAATT	2280
45	AGTTGAGCGC	ACGAATTTAC	CAGTTGTAGA	AACATTCCAA	GGTGCAGGTG	TAATTAGTCG	2340
	TGAATTAGAA	AATCATTTCT	TCGGTCGTGT	GGGCTTATTC	CGCAATCAAG	TTGGTGATGA	2400
50	ATTATTACGT	AAAAGTGATT	TAGTTGTTAC	AATCGGTTAT	GATCCAATTG	AATACGAAGC	2460
	TAGTAACTGG	AATAAAGAAT	TAGAAAACACA	AATTATCAAT	ATTGACGAGT	TCAAGCTGAA	2520
	ATTACTAATT	ATATGCAACC	GAAAAAAGAG	TTGATTGGTA	ATATTGCTAA	AACGATTGAA	2580
55							

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTTGG ATGGCACGTA ATTCAGAAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
10	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAA ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAACTTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAACATAA	3540
30	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTC AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAACCTGAA ACGTATGTCA AAGGTTTCAGT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGC GAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTTCACTAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
45	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTT CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
55	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380

TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500  
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTAC 4560  
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGAAGATAA AGTAAGTTCG 4620  
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTAAGTAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680  
 10 AGTCATTTCT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGAAGCG GTA 4733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60  
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120  
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180  
 TTGCGAATCT AACAACACGA TGTGATCAT CGTATTTTTC CCAAACAGCA AATTAACTT 240  
 30 TTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAATAAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300  
 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTTGCCATT 360  
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420  
 35 TGCTGTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCT AGTGGTAAAT 480  
 TGTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTkC 540  
 GTACCACCTA TATAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTgt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600  
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660  
 TGCTTACATA CTTTGATAA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720  
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCCTGGG AATACCATAT GGTCCTTTTT AAAATCACTT 780  
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCCTTC CTTAGAGGGT 840  
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900  
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACCTGA 960  
 TTGGTTTGTG TTCCACCTaC TAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020  
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGATACA 1080

TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAAT AAGATAAACC 1200  
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260  
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1072 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAArGGAGA AAwTCAaTAt GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATTT 60  
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120  
 TTTAAATGTA AAAGGCATTC CTCATTTATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180  
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAAC 240  
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTT AGAACAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300  
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTAA ATACTGCGTT AACCGAAGCG GGACTTGTCA TTAAAAATGA 360  
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420  
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480  
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540  
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600  
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660  
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720  
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCTTTTA AAGATTTAAA 780  
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840  
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900  
 45 CTTGGTGACG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960  
 ACaGCcTTCG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020  
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAAT TTAAAAGTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3271 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAAACTTA CTTTAACACC ATTCCTTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGtA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCCT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTTGT AACTTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTTGTCT CTCGTTAATT AATTCATTT CCGTATTTGc AGTTTTTCTA TTTCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTTAAAACT	720
30	AAAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTGCCTAA TTTTTTTAAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTT GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTCTT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTCGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTCA TCAGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGAATAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTTGTTTAAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

	GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC	1680
	ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA	1740
5	GGCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT	1800
	TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATTG ATTGCTTG TG TATCACTAGC ATTTTCAAAA	1860
10	GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCTGGTC CAATACCAGG ATAATCAAGT	1920
	CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT	1980
	TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA	2040
15	TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA	2100
	TAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT	2160
	CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT	2220
20	CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA	2280
	TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAAGTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA	2340
	CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGCACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT	2400
25	TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAAA TAATGCAGCA	2460
	ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAGTTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG	2520
30	CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GGCGCCTGTA	2580
	TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT	2640
	GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCCT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT	2700
35	CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCTCT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT	2760
	GGCATTAAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTCAC CAAAGAAACC TAATTCATCT	2820
	GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC	2880
40	TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCATT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC	2940
	TTGATGTGAT AATTAAAGTT GATTAAGTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC	3000
	TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT	3060
45	ACCACCATAC GACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAAA TCTACGAACC CTTTATATTT	3120
	ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTCATCTnG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA	3180
50	ATATkTCTTT TTAATTTCTT GTAtAAAAeC AATAGATTCT GtGTAAGTGT ATTGTGkTAA	3240
	wTGaCGwATg CtTAaWACgT GTGCCAATGG T	3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

(A) LENGTH: 1553 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATcA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTTG ATTACAAATT TTAAATTTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTAA CTTTTAAACG CACTTATTAA TTAAC TACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTtCACAA AAAAgAAAAT TAGTCTTTTT GCGTtCTTCT TATTAACCGT AATAACGATT	480
25	ACCTTGAAGA CGTATTTTTT TTATTATGTT GATTTTTCTT TAGGTGTTAA AGGTTTAGTA	540
	CAAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTT	600
	CTATTCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
30	TTCCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AAACCTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
40	TACGaTGGTG TTAAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAAcAAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAAcmG AGCCTAACCC rGAwTATTAT	1140
45	GGGGTGGcAA rGAAGAAAAA TATTATTArG ATTCATTTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAGTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT	1320
50	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
	AAATCTGATG TCATGCACGG TGACTATAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1419 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

5	ACAAAATCAA TCAGCAAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
15	AAACAGTTGG CATTAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAACGtTgA GATTTATACC	120
	ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAAACCTAA	180
	CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
20	AAAGACTAGC ACGAGAACCT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTTGCG GCMAGTATGA	300
	TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAAATAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
	AGAGAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTAC ATTTAAGACC	420
25	GCTTGTTTA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAAA GATTTAGTTA TTGATTTACA	480
	AAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
	TGAAGATCAT TTGTTGAGAA TTACACAGGA AGCAATTTTCG AATACATTGC GTCATTCAAA	600
30	CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
	AGATAATGGT AAAGGTTTTA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
35	TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTC	780
	AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTCGTATG ACGATTAAAG	840
	TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
40	AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
	ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
	AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTAC CGCAAATTAA AGTATTAATG TTAAC TAGTT	1080
45	TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
	AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AacTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
	TTTTTGAACC GGAAGTTTTA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
50	ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGGAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGTTACTCAA	1320
	ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAAAC GGTTAAGACA CATGTGAGTA	1380

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 608 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

```

ATGtnggCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG      60
TTCCGCCTGC TCAAGCAGAT GGTAAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT      120
ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTCGACC TAATTTTAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG      180
CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA      240
AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAAA      300
AATATTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAAA AGCGACTCAA GGAAATATTA      360
ATGTCGATTT AAATGTAAAT GTTGTAGATT AGCATTAACT TAAAGAGATT ATTCAACGTT      420
ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATt stCrAcCAA AATTTTTGGT TGGyTATTTT      480
TTCTATTCGT GATTGAAATT TCTGGCAATA TTTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT      540
CATAAATGTG ACCGGTTCCA ATACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA      600
GTCCAGTG                                          608

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 682 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

```

CCTTTCAAtT TCTCCCAAgA TTTACGCATG TCTGACCAA TGTCAATACA ATACCTGAAT      60
AATGATTTCT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TTAAAAGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT      120
TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTACAG TATTACTTGG AGATCGCCAA      180
AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATACC AGGTTATATT      240
ATGATTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT      300
GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA      360

```

ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT 480  
 ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT 540  
 5 GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA 600  
 TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTTA CAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT 660  
 10 ACAACACTTC CAGCACAAAA AA 682

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2574 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTC 60  
 ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA 120  
 25 AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCATT CATCACTTTG 180  
 TGGCTTTGGA TTCACTTCTG AAGATTTGCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTTAC 240  
 CTGTAATTIA GGCATTTGAT TTTCGTGTTT CATTAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG 300  
 CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCTT TGTAATTGAA TTAAAAATAA CATGCTTCAT 360  
 GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT 420  
 35 GGTAACAATG TCTTGACTAA TAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTCAAAGTC 480  
 AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT 540  
 ATCGATATCT ATTTTTGTAG ACGGCACTTT AAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG 600  
 40 TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG 660  
 ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG 720  
 TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTTCATC ATGTTTGACA 780  
 45 AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA 840  
 TTAATTTTAA GTTCATTCAT AAAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT 900  
 TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT 960  
 50 GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT 1020  
 TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGCnATC 1080

	AAATTCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAAACT TGATCAACAT GCATTAACAA	1200
	G TTCATAACG TGTTCACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA	1260
5	TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTTGTTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC	1320
	ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC	1380
	TTTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC	1440
10	ACAATTTTCA CATTCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC	1500
	TACAACTTTA GATTGTGTAG AATTACATTT CGGGCATTTT ATTACATCAC CCTCTTTATT	1560
	TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT	1620
15	CATTTAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTAATTATTA AGTAATTTGC	1680
	ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA	1740
20	AATTAATTGT ATTAACCTGC ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTTGC	1800
	TCAGCAACAT CTACAACTCT ATTTGAATAA CCCCATTCAT TATCATACCA AGCAATAACT	1860
	TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA	1920
25	TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTTGA CTTCTATGAT ACCTTCTAAA	1980
	CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCAGTTA CTTCTTTTTC TAAATCAACA	2040
	ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA	2100
30	CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTCGCCG CACCAGTAGA AGTAGGAATA	2160
	ATGCTTTCAT TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT	2220
	TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAAACCAT TAACTATTCC AAAGTGAATTA	2280
35	TTTAAACTTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG	2340
	TCAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCCTT TAACTACCAT TTGAACATGT	2400
40	CCACCTTTTG nAGGACCAGT TAACAAAAst TTTtTGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG	2460
	GCTTTATCAC CATGaTTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT	2520
	TTCCATGGCA AGTTTTTCAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT	2574

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3326 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

55

	CAAGGTACCG GTTTAGGTTT GTTCATTTGT AAAATGATTA TCGAAGAGCA TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA AAAGCGAATT AGGGAAAGGC ACAACATTTA TTATTAACT ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT GAATATAGTT ATTTCAGAAC GCATGTTATT GATTAGAGAC TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT TTTTGATTGA TGTGGGGAAT TTTGTATGTG GATTAGAACT TAGGGTTTTT	240
10	GCGAATATCA ACTATTAAAT ATATTACTAA TTTATACAAA AATATAAAGT TTGATAAAGT	300
	TATTTATTTG ATTATAAAAA TAGGGTAAAA TATAGATATA TTGTATTAAT TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT ATGAAAAAAT TCATTGGATC AGTTTTAGCT ACGACATTAA TTTTAGGGGG	420
15	ATGTTCCACG ATGGAATG AATCAAAAAA AGACACAAAA ACAGAAACAA AATCTGTACC	480
	AGAAGAAATG GAAGCTTCAA AATATGTAGG CCAAGGCTTC CAACCGCCTG CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA TTTGCGAAGA AGCATCGTAA AGAATTTGAA AAAGTAGGTG AACAATTCTT	600
20	TAAAGATAAC TTTGGACTAA AAGTTAAAGC TACAAATGTT GTAGGTAAAG ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT GTGCATTGTG AAGATCATGG CATTGTATTT AATGCAAGTC TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC ATCCATCAAA AAGGATCAAT GCGCAGTAAT GACAATGGTg ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG GGTACAGTGC TGAGTGGCTT TGAATATCGA GCGCAAAAAG AAAAGTATGA	840
	TAAC TTATAT AAATTCTTCA AAGAAAATGA AAAGAAATAT CAATATACAG GCTTTACAAA	900
30	AGAGGCAATT AACAAGACAC AAAATGTCGG ATATAAAAAT GAATATTTTT ATATTACATA	960
	CTCTTCTAGA AGTTTAAAAG AATATCGAAA GTATTATGAA CCACTGATTC GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT AAAGAAGGAA TGGAACGAGC AAGAAAAGAA GTGAATTACG CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT GCTACACTTT TTTCTACTAA GAAAACTTT ACTAAAGACA ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC GAACTAAGTG ATAAATTATA TAATTTAAAA AATAAACCAG ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA CAAATAGGGA AACCCTAT TAATACTAAG AAAGCCTTTT ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA GAATATGGGG TGCACAGTAA AGATGAATAA AATTAATGAT AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG TAGTTACTGG GTTTATCAAA ATATTGATAT AAAAAAGAA TTAAAGTTA	1380
45	ATGGAAAAAG GTTTAAACAA GTAGACAGTT ATAATGATGA TAAGAATAGT AATTTGAATG	1440
	GTGCTGCTGA TATTAAAAATA TATGAGTTAT TAGATGATAA AAGTAAACCA ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT TTATCAAGGA ACATCTAATG AGGCAATTAA TCCAAATAAT CCATTAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT TGGAGATGAT TGGCTCCAAA ATGCTAAATT AATGAATAAT GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA TTAAAGCAA ACAGATCAAT TATCAAATCA ATATAAATA AAGTTAGAAG	1680
55	ATGCAGATAG ATTATCAAAT AGTGATTTTT TAAAAAATA TAGAATGGAA TCAAGTAACT	1740

	ATCAAGGAGC	GAAACATCCG	AATGAAAAAG	TTGTTGCTAC	TGACTCAGCA	ATGATTCCTT	1860
	ATGCTGCTTG	GCAGAAATTT	GCTAGACCAC	GCTTTGaTAA	TATGATTAGT	TTTAATAGTA	1920
5	CCAACGATTT	ATTAACATGG	TTACAAGATC	CATTCaTCAA	AGATATGCCA	GGAAAACGCG	1980
	TTAACATTAA	TGATGGTGTG	CCCAGGTTAG	ATACTTTAAT	AGACAGCCAT	GTAGGTTATA	2040
	AAAGGAAGTT	AAATAGAAAA	GATAACACAT	ACGATACTGT	ACCACTAATC	AAAATAAAGT	2100
10	CGGTAAAAGA	TACAGAAATT	AAAAATGGAA	AAAAAGTAAA	AAAGACTATT	AACATAACAT	2160
	TAGATATGGA	TGGGCGAATT	CCAATAAATG	TTTGGACAGG	AGATTGCGATT	GCACGTTCTG	2220
	GAAGAGGAAC	TTTAATTAAA	CTTAATTTAG	AAAATCTTGA	TGCGTTGAGT	AAACTGATTA	2280
15	CTGGTGAAAC	AAGTGGTATG	TTAGCAGAAT	GCGTAATCTT	TTTAAATGAA	AGTTTTAACA	2340
	TCTCAGAAAA	TGAAAATAAA	AATTTTGCAG	ATAGAAAGAA	ACAATTATCA	GAAGGATTTA	2400
20	AGGATAAGAT	TAACCTATTT	CAGTTAGAAG	AAATGGAAAG	AACTTTAATT	AGTAAAATAA	2460
	ACTCACTTGA	AGAAGTTGCA	GATGAAACAA	TAGAAAGTAT	TAGTGCTGTT	AAACACTTAT	2520
	TACCTGATTT	TGCATTGGAT	GCATTAAAAG	AAAGAATTAA	TGAGTTGTTT	AAAGGTATAA	2580
25	AATCTTTTAT	AGAAAAAGTG	TATGATAGTA	TAGATAATGA	AATTTTAGAA	ATTTTCAAAA	2640
	ATATAGATCA	CGACTTCAGA	GATGGAGTAT	CTGAAGAAAT	GATGAAACAT	TTGAAAGTAG	2700
	TGAAACAGAA	TATAGACCAA	ATAAAAAATC	AAAATGATAT	TTATGGTAGG	CAAATTGCAG	2760
30	ATATTAGAAG	TATTATGAAA	CAACAAGATG	CAACAATTTT	AGATGGAAAT	TTTCAAATTA	2820
	ATTGTAGCGG	CGAAAAATATG	GTACAGGGTC	TAGTTATACC	TTCTAATTAT	TTAGGAAGAA	2880
	AAATGAAAAT	ATTAAAAGAC	CATATCGATG	ATGGTATTAA	AAAAATAGCA	GACTATGTTC	2940
35	AAGGTATATA	TGATGAATAT	GCATCGAAAA	TTGTGCGATG	AATAAAATAT	TTGATTAAATA	3000
	CAATTCCCAA	AATACGTAAG	AATTTAAGAC	ATGCAATTGA	AATGTAAAT	GTAAAAAGA	3060
40	AAGAATTTTT	GTCCCTGATT	CCTAATGTAA	CTTGTAATTA	TATTAAACT	AAATTAGAAG	3120
	AATTAGATAA	TACTTTAGGC	AAATGGGAGC	CTTTTCTTAA	TGATTTAAAA	GCAGTGTAC	3180
	CAATTTTAGA	TAACCATTTA	GATGATATTG	TTAAGAACAT	GAAGCCTTTG	ATTGTACAAA	3240
45	TGAyATwTGA	ACCATCACAT	TATGaCGATA	TGTTTAATTC	aAGAAAAGCT	TTAACGcCAG	3300
	TGTTCTCAAG	CGTTTTATAA	AGGTTG				3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5301 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTC AATTT CAAAATCATG CTCTTTCAAA CGATCTATTA AAGTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTTGTTT CTATATAATC GAGAATTGTG TGTTTTTCAC TCATTTTTTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGTT CTTTCAAAAT	300
	GAATTATTAC TTATTCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT CAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATTC ACAAATACGA	660
25	CATTCGTTTC AAACAACCAA ACAAGAACA TATGGATATG cCCGGACTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTTGCCAA ACTGGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
35	AGCATTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTT GGTACAGGAA AATAAATCTT	1020
	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTTA TTATGCTTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTTGTCCG ATTTATTGA GAACCACTAT AATTTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTTCCGTAT GATATTTCTA	1440
50	AATTGTCGTT CTCGTGTAAG ATGCAATACA CCTATTACAC TAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
	TATCTTAGTA TGTTCAATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGaTCAG CAATTGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620

55

	AATTTTTTTTA	TTTAAAACAA	TACCAACCGC	TAAATCAATA	TCATCCTCTT	TTGTTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT	AACATCATCG	AAGCGACACC	TATATCGTTA	GAGACTAATT	CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT	TTAGCTTTAT	ATTCAATTTG	ATATTGAGCT	TGTGGCAAAC	GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA	GTTTCGTCGC	CACCTTG GTT	TTTAATAAAT	GTTTTGAATT	TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA	TTAATTGCCT	CAATTAGCAA	CGCTCTCGCT	TCTTCAAGCG	TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT	ACAACCATTT	GAGAACCTAA	TGTTAATACA	AGTTCTGTTA	AATCTTTCGG	2040
	ACCTTGTCCT	TTCAACGTAT	CAATTGCTTC	TTGTAACTCA	AGCGCATTGC	CAATCGCACG	2100
	TCCAAGTGGC	TGATTCATAT	CAGAAATAAT	CGCCATCGTA	TTACGTCCCA	CATTATTACC	2160
15	AATACGTACC	ATTGCGTGCG	CTAATGCTTC	AGCATCTTCT	AATGTTTTCA	TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT	TTTACATCTA	ATACAATTGC	ATCTGCACCA	GCAGCAATCT	TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG	GCAATTAATG	GTATTGAATT	GACAGTACCA	GTAACATCCC	TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG	TCTGCAGGAG	TTAAATTTCC	TGATTGTCCT	ACAACTGCCA	CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT	TTCACAAATG	TTGCTTCATC	TATTTCAACA	TGAAAACCAT	CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA	ATCGTACCAC	CTGTATGACC	TAATCCACGC	CCACTCATTT	TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA	GCTGCTACTA	ATGGTGCTAA	AACCAATGTA	GTTGTATCTC	CTACACCACC	2580
	TGTTGAGTGC	TTATCTACTT	TGACACCTTT	AATATCACTC	AAATCTATCA	TATCACCAGA	2640
30	ATTAACCATA	GCCATCGTTA	ATGCTGCACG	CTCATCATCA	TTCATATCTT	GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT	AAACTTGATG	CTTGGAATC	AGGAATATCC	CCTTTAACAT	AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA	ATTTCTTCCG	TTGTTAGTGT	ATGACCGTCA	CGCTTTTTCT	CAATAATGTC	2820
	TATCATCTC	ATTTTTATCA	TCCTTTTCTT	AAAAAGCTTA	GGACAAAGCA	TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA	TTTTTAAAAG	CACAAGCGAA	AATTATTATA	GCAAGCTATC	GATTTCATTT	2940
40	TTAATATCAC	AATTTCAATG	CGATGTTATT	ATTCTTAAAT	AGATTGGTTA	TAACGTTAAA	3000
	GTCCCTATTA	AATTATCTTA	GAATCATCAT	GGCATTATG	ATGTCTTAAA	GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT	ATATGGTTAC	GATGTCCCAT	GCTTACATAT	TTTTATAAAA	TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT	CTAAACCTTG	CATAATTTGa	ACGCCTGCGC	TCGCACCAAT	ACGTGTCGCA	3180
	CCTGCTTCAA	CCATTTTATT	GAAATCTTCT	AAATTACGTA	CGCCACCTGA	TGCTTTTACT	3240
	TCTATATCAG	CACCTACTGT	ATCTTTCATT	AATTTAACGT	CTTCTGCAGT	CGCACCGCCA	3300
50	CCTGCAAAAC	CTGTTGAAGT	TTTAACGAAG	TCCGCACCAG	CCGCTTTTGT	TAATTCACTC	3360
	GCTTTTACAA	TTTCGTCATG	GTCCAACAAT	ACCGTCTCAA	TAATCACTTT	TACTGTGTGA	3420

55

	TTTAATGCGC CGATGTTGAT GACCATGTCA ATTCATCTG CACCATTTTG AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA ATGCTTTCGT CGCAGTTGTC GATGCACCTA ATGGGAATCC TATTACCGTA	3600
5	CAAACATAACA CCTCTGAATC AGCTAGTCGC TCTGCTGCAT ATTTAACATG CGTTGGATTG	3660
	ACACATACAG ATTTAAAATG GTATGCTTTC GCTTCATCGA TGATTTGATC GATTTGCGTA	3720
	CGTGTGACT CAGGCTTCAA TAAAGTGTGA TCAATCAATT TTGCACTATT CATTTTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT ATGGTTGATT ATAAAAATAC GGTGTAAAT TAGTTGATTG AGCGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT ATCAGGTTAG ATGTTGCTT TTTATGTAAC CGCATACATA TACTATTACA	3900
15	TTAATTCATT TCCCATAAAC AAACAATACA ATTGAACGTG ATATCTTCAT TATGAACGAT	3960
	GACTTGACAA CAAGCTAATC AGGATTATAT TTTTATAATT CTTTAATTCT ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAA AAAGGGAAC AAATGTTATC TTAAAATTAT TAATGAATAT TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG ACAAAGGTA CACCACATAT TCAACCAAAT GGAGTAAAAA TTGCTAAAAC	4140
	AGTATTAATG CCTGGCGATC CGCTACGTGC AAAATATATT GCTGATAATT TTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA TTTAACGATG TACGTAACAT GTTTGGTTAC ACTGGTACAT ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT GTAATGGGT CTGGTATGGG TATTCCAAGT ATTGGTATTT ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC TTCTTTGATG TAGATACAAT CATTCGTATC GGTTCTTGTG GCGCATTACA	4380
	AGAAAATGTT AACTTATACG ATGTTATTAT TGCACAAGCT GCATCAACTA ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA TACAATATTC CAGGTCATTT CGCGCCTATC GCTGACTTCG AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA AATGTCGCTG ACCAAATCGG TGCTACTACA CACGTAGGTA ACGTATTATC	4560
35	TTCTGATACA TTTTACAATG CCGATCCAAC ATTCAATGAT GCTTGGAAAA AAATGGGTAT	4620
	TTTAGGTATC GAAATGGAAT CAGCTGGTTT ATATTTAAAT GCGATTCATG CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT ATTTTCACAG TAAGTGATCA TATTTTACGT GACGAAGCTA CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA AATTCATTTA CACAAATGAT GGAAATCGCT TTAGAAATCG CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT GACTTTAATT GCTCTTTAAC AATGCGATTA AACTCAAAAA GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA TCCCCATTTA TGTGTTGGCT TTTATTTATA TTATTACTTA TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA AGATTTAAAC ATCCAATTAT GTTTATCTAC TGATGTTTGC ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC TGATACATCA TCGCCAGCAT TACCAGCAAT TTCGATTGCG TTTTCTAATT	5040
50	GTTTTGAGAT ATTTGTGAAG TCTGTGATA ATTCTTCAAC CATTTGTTCT GCAGAGTAAC	5100
	CTTTCGCAGC TTCTTTAACA ATTGATTGCT CTAAGCATTC AGTTAATGTA CCTACAGGGT	5160
55	TTCCTCCTAC CGCTAAAATT CTTTCAGCTA ATTCGTCTAC ATATTGGCTT GCTTCATTAT	5220

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 11466 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CATACACCTG AATCTAAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AAATATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATTGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAAATC ACTGTTACTT ATATTGATTT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTCC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTCA TGACATTTAT ATATGCACTT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAACT ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACaAATAC aAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAAGC TAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
50	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

	CCCAAGCTGC GTATGATATC GCAACTTGGG ATTTTCTGTA TTATCTACTT TGCAAGTATG	1440
	ACGTTGGGTC TACTGCATAT TGATTACCGA TGCCACCAGA CATA CGTTGG AAGTGTACGT	1500
5	GAGGCGCTGT TGAATTACCC GTACTACCTG AATATGCAAT TTGGTCACCA GCTTTGACTT	1560
	TATCACCAGC TGAAACAGTT AAACGATTAT TATGCATATA CCATTGGTAG TTATTACTGT	1620
10	TCGCTTCTTT AATCGTTACT TGATTGCCGC CACCATAGTT ACTCCAACCT GCTTGACTA	1680
	CTGTACCATC AGTTAATGAG TAAACTGGTG AATTTTCAGG CATTGCATAG TCGACACCGT	1740
	AATGCGCACC ACCACCGTGA TATTGTCCAT ATGGTTGTAG TTGTTTACGA CTTGTTAACC	1800
15	AGCTTGCGTC TTTCGCATGA CCACTAGcTG TCGCTTTACT TGCTGATCCA CCATTTTGAT	1860
	TAGATGTGCC ATTAGGATAA TTGACCTTTC CATTACCATC ATGGCTGTTA TACGCTTGGT	1920
	TGTTGTACT ATGTGAATAA TAGCTCGCGT CTGGACCTAC ATTTGATTGA TAACCATATT	1980
20	GATTAATATG CTGTTGGCTT TGA CTGCTG TGTAGTCATT GTTATCTCCT GCTGTTGCTG	2040
	GATTCACATA TGTTTGGCCG CTTCATTGG CATTTCGATT TTTTGGATAA CAGTTATAAA	2100
	AATAATGCGT ATGTCCTTGA GCATCTACGA ATGTATAGCT ATATTCTTTA TTATCAAACA	2160
25	TTGCTTGATT CCAGTTACCA TCAGGTGTGT GATGATAATC CCCATTAGAA TCAATTGTAT	2220
	AATAAGTACC ATAAGATACG TCTTGTGATT GTGTTGACAT TTGTGTATGT GCTTGTGGG	2280
30	TGTTTGTGCT TTCTGCTGCA TCTGCTTGAT GCGCCATTGT AAATGTAGCG AAsCCATCGT	2340
	TGCAATCGCT GCTGCTGTTA ATTTTTTCAT GTATAAAACA TCCTCCATTA AAGTTAAAGT	2400
	TAGTTTTCAA TTAACTGTA CTGCACATAC TAAAAGAATT AGACAACTGA GTAAAGGATT	2460
35	TAATTCTCAT TTCCAAC TAATAATTC CCGAAATGTT TTAATAACT CATTACATTG	2520
	TCATTACAAA ATAGCCATAC ATTGATATTA AAATGACATC TCTCACTGCA TTCGTTTAAC	2580
	CTTTTATAAA TTTTCAAAT TAACAACTAA TCGTTCGTCC ATGTTGCGGA TTCAACGCTA	2640
40	ATGCATGATA GTAATCATCC ATCAAATCAT ATCAACCAA TTCCATTATC AATCGCTATT	2700
	GATTGTCATT CAACTTTCTA ATAGTGATAT GCTTCTCAGG CTTAAAAATC GTCATATCTT	2760
45	TTCTATTAAT TAAATCATCT GTGAGCTTTA ATGCTACTAA TTCATTGCTG CCATAATACT	2820
	TAATATATAA CGTTCTTGTA GTTAAATTTA TTACGGTCTG ATACATCGTA TAGTGATTGT	2880
	CAGCATCATG CGGACGTACA ATTCCAATCG GTATATTTAC CGCATCTAAT AAATAAAATG	2940
50	CATTCAATTA ATCCATTTCT TTATCATTGT TTTGAGCAAT GTTTGCTTTC ATAAATGCCA	3000
	TTCTCACAAA GCGCTCAGTT GAAGTAAATC CACCTGGCAA TCCAAATGTA CCTGCTTCAT	3060
55	TGCCTAAAGG TTCAATCGTT ACACCTTCCA ATAAATTTGC TGTGCTGGA TAAGGAGAAA	3120

	CACCAATAGG	ATTATCTTTT	ATAACCACTT	CACCCTCTTT	AAATGAAACT	TCGACTGTAT	3240
	GTCCAGTTGC	ATCGGAAACA	TGATAATGCA	ATGGCGGAAC	TTCACCGATG	TCATTTAAAT	3300
5	ATACAGCTAC	AACATGTATT	TGGGATGCTT	GTTGTTTCAT	ATCTTCAATG	CTTGTTGTAT	3360
	ATCCCCAAAT	CCATGTCACA	ATTTCAATTTT	GCGTAATATT	CATCGCGTCC	GCTTTGTGTG	3420
	TTGATCCATA	TGAACTATAA	CCTCGGAAAT	ATTGTGTTGA	AATGGCAACG	CcATGTtCAT	3480
10	TAACACCATC	ACCATAAATA	AAACCTTCCA	TATCTGTTCC	TGTGCCAATA	AAGCCATATT	3540
	GCGTTTGGCC	TGTCGTGCCA	GTGCAAGATT	TCCAACGATA	ATTTCTAGGC	GTCACTGCTG	3600
	GCGAACCATC	TAATGGATAA	TCATAATCCA	TCGTGCGTCC	AAGAAGTACT	TGATTATTTA	3660
15	AAGTTTGTAT	TGTGAATCCT	GTGCACATTG	TTCTCACTCC	TCTGTACCTT	CATTTACTTT	3720
	AATCACTTTC	AAATAAAGCT	GTTTCACTTA	AACATACTAT	AAAAAATCAA	TTATACAAGC	3780
20	AATTAATTGA	TATTCATTCT	CAATAACTGT	GGTATGATAT	GTAAGGAAAT	CATGACTTAT	3840
	GTGTGAGTGA	ACGATCATCT	ATACATCCGT	TCACTTCATC	TCATGACTTT	CTATATTTAA	3900
	TTTTTACAAG	GAGTGACATC	TGTGAATAAC	ACACAATCTT	CACCACGCAG	TAATATTATT	3960
25	ATTGCGATTA	TGTTGTCTGC	ATTAACATAT	TGGTTGTTTG	CACAATCATT	TATTAATATA	4020
	GGACCTCTCG	TTGGTCAAAC	ATATCAAACC	TCTCCTGCCG	TGTTAAATTT	ATCTATTAGT	4080
	TTAACTTCCT	TCGCCACAGG	TATCTTCATG	GTGGCTGCAG	GTGATATTGC	TGATAAAATA	4140
30	GGACAACTGA	GAATGACATA	CATGGGTCTC	ATAATCAGTA	TGTTTGATC	TCTTCTATTA	4200
	ATTATATCGG	ACATCACTGC	ACTGCTCATC	ATCGGTAGAA	TTTTACAAGG	TCTATCAGCA	4260
	GCTATCTTGT	TACCTTCAAC	AGTTGGCGTG	TTAAATAATC	AATTTAAAGG	AGAACATTTA	4320
35	AGACGAGCGA	TTAGTTATCT	AATGATTAGT	ACTGTTGGTG	GCATCGGCCT	AGCTGGTGTT	4380
	ATCGGCGGTT	TAATTGCCTC	AAATTTCCGA	TGGCAAACGA	ATTTCAATCAT	TAGTATAGTC	4440
40	ATTGCTTTCA	TTGCCATATT	GCTTCTAAAA	GGCACACCTG	AAAAAGTAAG	TCAACATAGC	4500
	CACCGTCATC	CATTCGATTA	CAAAGGTATG	TCGATTTTCG	CTGTTATGAT	TGGTAGCTTT	4560
	ACATTATTGT	TAACACAAGG	ATTCGAACAA	GGTTGGTTTA	GTACATTTTC	AATCATTTGT	4620
45	CTGAGCATTT	TTATCaTCac	TACGTTGATA	TTCATCATCA	TCGAACGTCG	ACATGAAGTA	4680
	CCTTTTATTG	ATTTCTCAGT	ATTACGCAAC	CGTCCGTTCA	TTGGTGCAAT	TTTAAATAAC	4740
	TTTGTTTTAA	ATAGCGGTCT	AGGCGTAACA	GTGGTCTTTT	TCATATATGC	TCAAACACAC	4800
50	CTTGGTTTAt	CAGcTGC GCA	ATCTGGACTT	GTTACATTGC	CATATGCCAT	TGTGGCAGTT	4860
	GCGATGATTC	GTTTAGGTGA	AAAAGCAACA	TTACGTTTCG	GTGGCAAATT	GATGCTCATC	4920

55

	TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA	5040
	GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA	5100
5	GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT	5160
	ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA	5220
10	TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA	5280
	AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT	5340
	AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAATAAA GATTCAATTA	5400
15	ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT	5460
	CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG	5520
	AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG	5580
20	ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTTGCT ATCAGGTATC GTTTCACAA	5640
	TTTCATTAAC ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAGTT TTTATTGGTA	5700
	GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA	5760
25	ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA	5820
	GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC	5880
30	AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTTAGGGAT TTATGTCCCA	5940
	GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC	6000
	GCGTTGTTTC TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTTGAAAAT CAGTTAACAT	6060
35	TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAAA	6120
	TAACCATCCA TCTTTTAAAC CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTACTGTTTC	6180
	TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGCACATT AAAACGTAT CACCAAAGTA	6240
40	ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACAAAC AAACGACCAT ATTCGAACTC	6300
	TTTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAACT AATAATCTCT TCTTCTTTTA ATTTGAATTG	6360
	CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC	6420
45	ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT	6480
	TATTCTTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATTCTTGT	6540
50	TATCATAATC ATTAAAAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC	6600
	GTATACTTCA GACGTCTGTT TGTAACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA	6660
	AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA	6720

55

	TGGTGTATCA GTTACAACTG TGTACATAT TTTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
15	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTGT TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAACGA TGAACGCT ATTGGCATT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT ATAGGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCTG TGCAACAACT GGCTATCATC TTTCAAAC TA	7740
30	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG	7800
	AGGGTTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAT AATAATGTAT GAATTTTTAA	7860
	ATATGATTTA AACGTTTCA GTTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
35	ACGATGGCAC TGGTAAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCATTA CTTATCGGGT TAGGCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTTGCT	8160
	ATTCGCCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCGGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATGG	8340
	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA	8400
50	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCAGTGGTA CTTCTGTTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTCAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520
55		

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTCAG GTTTCTTCTT	8640
	TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTTATT CTTTCTCAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
10	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAATCA	8880
	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATTCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAATT	9120
	AAACAATTGA TTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTC CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACTTAGCTC ACCCATTAATA TAAAGGTAAT ATTCGTACTG GTGAAaCAAC GCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
25	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTTCA ACGAATGTCG ATCAATTTTT AACAGTTGAA	9360
	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
30	ACTAAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTAACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGtTGCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
45	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATACAACT GCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCATTT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
50	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
	GTAAATCAAG TTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
55	CAACATTCGT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320

TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440  
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA 10500  
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560  
 AGGGGCATTT TCACAAGATA AACAAGTGTT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620  
 TATTTATCTA GCTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680  
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTTTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740  
 ACAAGCGAAT GCTGTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800  
 15 AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860  
 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920  
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980  
 20 GAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040  
 TGGTCCAATG AGTTTAATGA CACCAAAAGG TTAAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100  
 TATAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160  
 25 TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCTG CTAAAAAGA 11220  
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280  
 CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340  
 30 TTTGGTTAAA GACTTTCATA AACACTCAAA CATTAACTACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400  
 TTTTTTyCIn AAAATTTTAA CmTCmCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAwT TcGCrmAAaT 11460  
 35 TAwTcT 11466

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60  
 50 ATTTGTATTC TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120  
 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180  
 CGTTAGCTAC AATGATTTCA AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAACTT 240

	AAGTATTACA TCTAAAAGGT ATCACAGAAG AACAACTGAA CCAATACATC AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC AGAACGTGCA CAAGAAGTAT TCTCTGAATC ACTTAAAGAC AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG TGTTCACAA CAAAACGCTT TTTACAATGT TCTTAAAAAT GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA AAAAAATAAT TACATTGCAC AAATTAAAGA AAACCCTGAT AGaAGCCAAC	540
10	AAGTTTGGGT AGAATCAGTA CAATCTTCTA AAGCTAAAGA ACGTCAAAAT ATTGAAAAATG	600
	CGGATAAAGC AATTAAAGAT TTCCAAGATA ACAAAGCACC ACACGATAAA TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA CTCAAAATTA CnTAAAGATT TACGTGATAA AAACAACCGC TTTGTAGAAA	720
15	AAGTTTCAAT TGAAAArGCA ATCGTTTCGTC ATGATGAGCG TGTGAAATCA GCAAATGATG	780
	CAATCTCAAA ATTAAATGAA AAAGATTCAA TTGAAAACAG ACGTTTAGCA CAACGTGAAG	840
	TTAACAAAGC ACCTATGGAT GTAAAAGAGC ATTTACAGAA ACAATTAGAC GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA TGCTGAAAAG AAAGTGGCGC CAAAAGTTGA GGCTCCTCAA ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA AAAACCTAAA GTAGAATCAC CAAAAGTTGA AGTCCCTCAA ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA GGTTCCCTCAA TCTAAATTAT TAGGTTACTA CCAATCATTa AAAGATTCAr	1080
25	TTAACTATGG TTACAAGTAT TTAACAGATA CTTATAAAAG CTATAAAGaa AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA CTACTATAAT ACGTACTATA AATACCAAGG TGCGATTGAT CAAACAGTAT	1200
30	TAACAGTACT AGGTAGTGGT TCTAAATCTT ACATCCAACC ATTGAAAGTT GATGATAAAA	1260
	ACGGCTACTT AGCTAAATCA TATGCACAAG TAAGAACTA TGTAAGTGA TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT ATTATATACT TTCTACCAA ACCCAACATT AGTAAAAACA GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC TGCATCATCA ATCAAAAATA CATTAAGTAA TTTATTATCA TTCTGGAAAT	1440
	AATCAATCAA AAATATCTTC TCTAGTTTTA CATCATTTTT TAAATAATTT TCGTAACAAA	1500
	COGTGATTAA AAAGAACCGT TGATTCTCAA TCGAATCTAC GGTTCTTTTT TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT GCTTCTTCGC TATTTGTCAG CCCACTTTTT TACCTGCAAC TTGTAAATA	1620
	ATCCTTACAT CGTTAACGAA TAGTTCATCA TTTAGTTGAA TCAGCTCAAC TTTATTAACT	1680
	TCATATTTTC ACAAACTATT GCGCAATCCA TTCCTTTTCC ACTACAAGCA CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC AATAAAATAA GACTTGCAAA GCATAGTTAT GTAGCTATAT AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA TCTTTTAAAC ATAACATAAT GCAAAAACAT CATTTAACAA TGCTAAAAAT	1860
50	GTCTCTTCAA TACATGTTGA TAGTAATTAA CTTTTAACGA ACAGTTAATT CGAAAACGCT	1920
	TACAAATGGA TTATTATATA TATGAACTTA AAATTAAATA GAAAGAAAGT GATTCTATG	1980
55	ATTAAAAaTA AAATATTAAC AGCAACTTTA GCAGTTGGTT TAATAGCCCC TTTAGCCAAT	2040

CmTyCAAArG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160  
 GGATTTGGTA AAGGnT 2176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1557 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

AAAAGCATGG CTTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60  
 ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAAT 120  
 CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180  
 TATTAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAACGGTA AAGTATTACA 240  
 AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300  
 ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTTGA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360  
 ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420  
 AATTGAAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480  
 TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540  
 TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600  
 AGAATTGGTT GATTTCCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660  
 TGTAGGAGTA CAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720  
 CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780  
 AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA 840  
 AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900  
 TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960  
 AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020  
 CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080  
 GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140  
 AAAAGCACAA CCAATGGAAG AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAGTGAAA CAGCATTCCC 1200  
 ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380  
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440  
 5 AACATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAAa TA-TATGCAA gCAAACGTTA 1500  
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTA CTGA 1557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1799 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

20 GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACCTCT GTTAAaTGA TGGACGTAGA CAAATATGCG 60  
 TATTGACGCT TTATTTTAAA AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120  
 CTATGAAC TAaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC ClGAACAGTT 180  
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATT TAaAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240  
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300  
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360  
 30 ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420  
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACCTGG CCAATATT TAaCCTGTAG AATTTAGAAA 480  
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATT 540  
 35 AGGTCATTTT CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG 600  
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG 660  
 CATTGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAAGAA GGTTCGAAG ATGTAGCTCA 720  
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGGA 780  
 CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAAaAC 840  
 45 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900  
 CCCAGAATGT AATAAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAACTAAAT ATTTAGGTGC 960  
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020  
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080  
 TTAATTAAAT ACCTTTTCAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC 1140

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT 1260  
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320  
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA 1380  
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440  
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTCG CCATTAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500  
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACCT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560  
 TTTCAAATTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTGGAG 1620  
 CACTTTCAA TAGCGCAGGT ACATTTGTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680  
 15 TACAAGATAA GCATTACCCT CACCTACGAT TCGGATTTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740  
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG 1799

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1341 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

30 ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC 60  
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT AACTAGTTA ATTTTCAAAC 120  
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180  
 35 TTTAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240  
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300  
 CCACGTAGTA AGTTTTTCATT TTTCTTAGGA TCCAGTAAA CACCCATAAA TTCTAAGCCT 360  
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420  
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA 480  
 AATACATCTA AAGCCATTTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540  
 45 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC 600  
 AATACTTGTT CAGCAGTTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660  
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720  
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780

	TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG	900
	GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG	960
5	CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTTAC GGAAAGCACG AATACCCAtC AAGTTaGCTG	1020
	GGTTGTGaAG CCGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTTT CTTTTCAACC TCATCAGTAA	1080
	TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA	1140
10	TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG	1200
	CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGACTG TTTTAACTTT TTCCCCGTTG ACTTCAATTG	1260
15	TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTAATAAACC TTTTGTTACT AATTCTCTT	1320
	CAGGCATTCT AATTAATTGA A	1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1529 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

	TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAaG	60
30	AGTTGCAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA	120
	TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT	180
35	AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTAAACAT TGATGAATAA	240
	AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT	300
	TATGACGACG GAgtATTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT	360
40	GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTTGTCG TTGATGATGA	420
	TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA	480
	TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA	540
45	TGTTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA	600
	ACATTTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG	660
	TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT	720
50	TAAAACAGCA TTAAAACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTTtag GAATGATTAC	780
	TGCGACAATT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT	840

TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAAGAGA 960  
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGTG ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020  
 5 TGCAATATAT CATCAGCCAC TTTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080  
 GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140  
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTATATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200  
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTATGGC TTTACTTAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260  
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320  
 AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA 1380  
 15 TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTG AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440  
 TATCTTTTTA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500  
 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529  
 20

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1827 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 25

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCAAT 60  
 ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120  
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTGTCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180  
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAAG ACTGCCGACT 240  
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAACTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC 300  
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATTCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCGA 360  
 GCGGTCGCAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420  
 CAAAAGTTCC TTTAGTGTA CCCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG 480  
 45 TCCATCCCTT TGGTAAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATAC TTTGAAACTT 540  
 GTAATTCTAC ATTAATAAAA GAACGTTTAA AACTAAATT TGTTGTTTCT ACAGGTGTAC 600  
 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCCAGGT ATGTAGATTA 660  
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720

55

	CAGCAATATC TATTTGATTG ATTGCTGCAA CAACCTGTTG GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTTTCA ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AAAGTGTAA CAAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTGTAGTTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAAA GATGTAGAAA	1140
	ATTTCAATTC AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTT TACACACCAG	1200
	GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
20	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA	1440
	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATCTTAA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAAATANA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAAGTATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTT CTTACTA	1827

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 616 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear
- 40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTA ATGTTTGTTA TTTGTACTGT GTTTGCCAGT GACATTTATT ATAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGkTGTA CTCATTtTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTT TTCGAATCTA TTCTTTTATT	300

55

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420  
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480  
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540  
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAaG TTGCACaATA GAAATGaTGT 600  
 TCACTGAATT CACCAA 616

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 944 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60  
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACCTAC CTTTGTACTA TGTCTTCTTT 120  
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180  
 GTGACATTAG AAATGGGCGG TAAAtCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240  
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300  
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360  
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420  
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTACTIONA GTGCACAAAT GAATATTGTA 480  
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540  
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTGGTCT CTATCTTACC GATTTTAACG 600  
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTCACCAAA GACCAAAACC TTTGAGTTTA 660  
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTGGC 720  
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780  
 45 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAAATATT CATTCGACAC TTTTACACAT 840  
 GAAAAAAGCT ACATTTTCAA ATCnACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATTT ACCACCATAT 900  
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 55 (A) LENGTH: 4820 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

	TCTCCAGTAG ACCTTGTGTA TGAACAGTTT CTTTCATATG AATGAACATC GTTTTTTAAAG	60
10	TTTGTTCCTCA CTCAGCCTTA TCAGGATAAT ATCTAGAGAC AGTCGTCTCT GGCATCTCCA	120
	TTGTATGATA TTAAACCTTA TGCAGCGACC CATGATTTTC GTTATAAACA AATGTATGAT	180
	TCACCTTCATC GAAATCATGA TCTTCTCCTG CAATCCAAAA AACTGGTACT ACTTGTGCT	240
15	TATGTGTATC CGTTAATTCC TTAGATAAAG TAATGATTGa AAATATTTTA TGGAAATGTAT	300
	ACAATGGTCC CCCGAAAAGC CCTGCTTGTT GTCCACCAAT CACAACTTTT GAACCATTAG	360
	CTAAATGTTG TATGTTTAAT TCTTGTTTAC TTGAAAGCTT GAAAGCTTTA AATCACTCAT	420
20	ATATTCACGA ATAACATTCC CTAATGCCGC TTCTCTTCCA TTATTTTCTT TAGACATCCT	480
	TTTTTCAAAA CTAGTTTGTT GAGCTGCATC ATATTGAAAT AATCCTGTTA TTACAGGGTC	540
	ACTGCTCTTT ATTTTGGTA TAACTGATC TTTTTCATTT AAATAACTA CTTTACAGTC	600
25	CATGTTTTTT CTCCTTAAGT ACGCGATTAC AAATAATAGT ATAAAGTCTA TACCGGTGAT	660
	TGACAATTTT ACGGCTTGAA AATCAATTTA ATCATGGAAA ATTTATAATA TTCATTGTTT	720
30	TACATTTTCA AATCAATGAA AAACACAAGT GGTTTAATGT ATAATAATAG TAGTAAACAA	780
	ATAAGGGGTA GATAAATATG AGTGAAATCA AACGTCTTGA AATTAAATTAC AAAACTGACG	840
	AATTATTCGA AAACCTTAGA GCGTTTGGCA ACAAAGACTT ATACATGGTC AATGAGTTAA	900
35	ACGGTCAAAT GATTGATGCA AGTTCAGATT CACCATTTTA TGGCATATTT GTCGaGATCA	960
	ATTAGGAGCT AGAATGGCAT TACTAAAAAA AGGTGATGTC GAAGAAATCT ACTTCCCAGA	1020
	TTTTGAAGAT TATATATTAT TATGGAAGTT AGAAGTATTA CCAAATATC AAAACAGAGG	1080
40	GTACGCTTCA GAATTGATTG ATTTTGCAAA GAGTTTCAAT ATGCCAATTA AAGCCATTGG	1140
	CAGAAATGAT TCTAAGGATT TCTTTTTACA TCATGGATTT ACAGATGTGG AAGCTAAAAA	1200
	TATAGAGGGA CATGATGTCT TATTGTGGAA ACCATAAGAT AATAATATTC GACACTACGA	1260
45	GCGTAAAAAT GCATCTTTTC GTAGTGTCTT TTTTACAATT ACTTCTTAA GCTAATATAA	1320
	GTaAATCATT TTCAAATTAT TTGTCTTAAC GTACAATATC ATTTAGTTGT TTCCATGrAT	1380
50	TAATTTTATA ATCAGGTATA ATTCTGGAT TATGATCAAA TCCTCTAAAa TTAAACCAGC	1440
	AAGTAGCTAT ACCcGCATTG ATTCCACCTA GAATGTCAGA TGTTAnAGAA TCTCCaACTA	1500
	TAATCGAGTG CTGtCTTTCA TCCTCACCAA TATCATTAAA AACATAATTA AAAAATTCCG	1560

55

	ACGGCGTCTG ATTTAACCTT CTCTTTTGCG TTTCGGTAC ACCATTAGTA ACAATATATA	1680
	AATCATGTCT TTTGATAAT TCGACAATTG TTTCTAATGT TTGATCAAAG TATTTAACTT	1740
5	TAGCTTCTGC TAATCCATT CTAAATAACA CATCTGCACG ATGCCCATCA ACTTCCATT	1800
	GATGATGTTT GAAGTAATTC ACAAATCGTT CTGATAATAC TTCAGACTTC GkTAATTTAT	1860
	TTTGkTGAAA AGCTTCCCAA TGTTGGTGaT TGaTTTTTTTT AAATGkTAAA AAATCATCCy	1920
10	TTGTTGCTTT ATGATTAAAA ACATTGCGCA TATAGTGAAn CGCCCATTCT TCTGcATCAT	1980
	AAAAATCAAC AATTGTATCA TCAAAGTCTA TCAAAATATT TTTATATCCC AATTTCCCCA	2040
	TCTCCTATAT TGTCTATGTA TCTAAATCTT AACAGAGGCT CAAATTTCTG CAAATAAAAT	2100
15	AAACTGAGTG CATAACATTA AAGTATGCTC ACCCAGTTTA TTTTAAAGAA TATTAGTTAT	2160
	TATATTAGAA TCCAAATAAT TTACCTAGTA AACCCACACC GTTAGCAACG ATGTCTACGA	2220
20	TACTTGCGCC TAATTTTACA CTATCATGTT GTTGTGCAGC TTGCACAGTA TTTGCGATTG	2280
	CTTCTGCTAG TCCAGTCATT TAAATCTCTC CCTCACCTTT GAAATAATAC TGATTACTTA	2340
	CATAACATAT TGAAATTAGA ATCCGAATAA TTTACCTAAT AAACCTACGC CATTTTCAAC	2400
25	GATGCTCACA ATGCTTGTGC CTAATTTTGC GCCATCATTA TTAATTGCTG CAGTTACGGT	2460
	ATCTTTAATT GCGTTAAATA AACCTTCCAT TGAAAACACT CCTTAAATTT TAAATTTGAA	2520
	GATAACAAA ACGTGCCTAg yTTTTAAATC ACCGAAATGT TATTCGCTTA ACGTTTTGTT	2580
30	GTTGTTATTT TAAAATAAAT TTGATGCAAT TAGTTTGTTT ATCCGCACAA CATCTTATAA	2640
	TGTACTTAAC TGTATTTTAA AGAGAAAAGA AATACAGTTA GGCATTCAAA ACTGTATTTA	2700
	ACACAATTAA GTTGCCTGAA TTCGTATTTA AGTCTTATTG AACCTTTTTA GATAAATAGC	2760
35	TCTATAATAG TGAAAAATAT AAACATTTTT TATTTACAAG GTATTGCTAA TTTAAGTTCA	2820
	TTTAGATATA ATAATTCTTG TGTGTTAAA CGTGTCTGG TAGCTCAGCT GGATAGAGCA	2880
	ATGGCCTTCT AAGCCATCGG TCGGGGGTTC GAATCCCTCC CAGGACGTTT ATAGGTATTT	2940
40	TTATACGCAT TACCAAACAA AAGAGTTCCG TGATTACGGG GCTCTTTTTG TTTTGAATTT	3000
	CAGTAATATA GTATGATGCG TCACCAAAC GTCCCCGCA TAAGCCCCGA AAATACAGTA	3060
45	ATTAAAACAA GCATGCTTAT TCGTTATAGA ATTTTTTGAC ACACAATTGA CACGCGTCTG	3120
	ACACTTGTTT ATACATTTTT AATTAAAGTAA TTTTGTGCTC AAATTTCATC TATACTGCAC	3180
	CTGAACTACA CCAACACTAC ACCAAGATTT TTAACACTCA CCATTTGCAT GCGTAGAGAT	3240
50	TTTTATTATT ATATTATTCC TATAGATTTT GATACTATTC AAAATTTTAG GGACTTTTCA	3300
	GGGGCCCGAA ATCCTATAAT TATAATTATA TACATCTAAA AAAAATAACC ACGTCCATCG	3360

55

5 ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT 3480  
 CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA 3540  
 10 TGTAAGTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCATCAT TTTGTACACC 3600  
 CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCATTTAAAT TAAATAATTA CTTTTCACACA TATTCCAATA 3660  
 TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT 3720  
 15 GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAATT 3780  
 GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAAATCAT 3840  
 GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG 3900  
 20 TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCAGGAATCT TTGCTTTCTT 3960  
 GATTTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT 4020  
 AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTTAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC 4080  
 TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT 4140  
 TTGGATTTTA TGCCTTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAAATATTT 4200  
 25 AAAAGATTTT TCACCTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTTTA TTGGTATTGn 4260  
 TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT 4320  
 ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT 4380  
 30 TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCGAACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGY 4440  
 CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCCTAA GGCGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTT 4500  
 ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA 4560  
 35 ACCTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT 4620  
 AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGtKtCC AGACATTtGG AAAGGkCTTT TGTTTATCGA 4680  
 AGTGTTATTA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT 4740  
 40 AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA 4800  
 ATTAACACGT ATATTTAATA 4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4358 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	ATTGATCT	TTAATATCAC	CAATATTTTT	AATATCTTCC	GGATTCAATC	CATATACTTG	60
	TACTGTATCT	GAGTATTTAA	TTGTGAAATA	ATCACCTGAT	TTAACTTTGT	CATCAACTGT	120
5	AATTTGTGAT	TTTAATGATA	AATAATCTTG	GGCTGGTACG	ATTTTATTGT	TTTATCTGC	180
	ATCAACGACA	GTtAATGTTG	TATTTGATGT	GATTAAATCA	TTAACATTTT	TAGCCTCTGT	240
	TGATGATGGC	TGTACTGCTG	CTATACGCAT	TCTTGATTTC	AAACGTTTAG	GTGCTGTACT	300
10	TTTTGGCAAA	ATGATATCTG	CATTATTTTC	ATTATTTGAA	TTACTATTGT	TATCAACAAG	360
	AGTTTCATCA	TTACTCTTGA	TAGCATCACT	TTTAACATTT	AATGTAGTTG	ATTCAGTTTT	420
	GGCATCTACC	TTTTTGTTTT	CCTCATTAGT	TGGTTGAACA	TTTACCACTG	ATTTATTCTC	480
15	TTGCAAATCA	GGTGTGAACG	CTTCTTGATT	ACTTATAGTT	TGTTTAGTGT	TTAAATCTTC	540
	ATTTCGTAGAT	TTTGGTGAAG	CTTGCTCATC	TGATTGGCA	GTTGAACTT	CACTTTATT	600
20	TCCAGTGGTA	GATTGTACAC	TTTCTTTTTC	TATTAATTTA	TTCCCATTTG	AAGTCGTTTC	660
	ATTACCTTGa	GATGATACCA	TTTCTTTTTG	ATTATCATTT	TTAGTATTGT	CTTCTTGATT	720
	TAGTTGCTGC	ATATCAACTT	TATCACTCGA	TTGATTATCA	CTTGCTGAAG	TTGTCGCTcG	780
25	TTCAATTCTT	TATTAGTACT	TTCTGCAGCC	TTTGCTTCTT	GGTCCCCAG	ACCAAAAATT	840
	AATGTTGTAC	CTACTAAAAT	TGATGCTGTT	CCCACTGTGT	ACTTTCTAAT	CGAAAATTTA	900
	TTTAATCGAT	TGGATACCAT	GCCTTTCCTT	GTTATTGCCG	TTTTATTTTC	TCTGTTTAGC	960
30	ATTAGATTAC	TCCTAATTCA	TCAAAATTTT	AAATAATACA	ATTGTTTTAA	ATACAAAAAT	1020
	GTATATCAAT	ATAGTATTAC	ATTTTTAGAT	AAAGCACAAT	ACTTTAATTA	TTTTTCTTTA	1080
	TCGTAAAACG	TTATTTAACA	TTTGTGTTTA	AATAAAAGTT	TTTATGAGTt	TTGTAATCTT	1140
35	TATTTAATCA	TCATAAAAAA	TAGTATTATT	TGCCCTTGAA	ATTAATATCT	TAGCTTTTCT	1200
	AATTCATAGA	CAATTACATT	TCTGTAACAA	ATTAAATTGT	ATCTATTCCT	TAAAGATTTT	1260
40	TTGTTTTATA	TCTGGGAATT	TCTAAACAGA	AAAAACCAGG	CCACATGGAC	CTGGTTAAGT	1320
	TAATCATATT	ATTTATTTTG	TTTTTTACGA	CGACCGAATA	ACAATAATGA	TCCTAATGCC	1380
	GCGAATAATC	CACCGAATAA	TGTGCCATTA	TTTGAATTAT	TATTTTCACT	ACCTGTTTCT	1440
45	GGTAATGCTT	TAGCTGTTTT	ATGCTGATCT	TTAACCGTAC	TCATTGGTTT	AGCCGGAGTA	1500
	TGTTTACCTG	CATCTGAATC	TGAATCGCTA	TCTGAATCTG	AGTCGTTGTC	TGAGTCCGAA	1560
	TCGCTATCTG	AATCTGAGTC	GCTGTCTGAA	TCTGAATCGC	TATCCGAGTC	TGAGTCGCTA	1620
50	TCTGAGTCTG	AGTCGCTATC	TGAATCTGAA	TCGCTGTCTG	AGTCTGAATC	GCTATCTGAG	1680
	TCTGAATCGC	TGTCCGAATC	TGAGTCGCTA	TCTGAATCTG	AATCGCTATC	TGAATCTGAG	1740

55

	TCTGAATCTG AGTCGCTGTC TGAATCTGAA TCACTGTCTG AGTCTGAGTC GCTGTCTGAG	1860
	TCTGAATCGC TGTGAGAATC TGAGTCGCTA TCTGAGTCTG AATCTGAATC ACTGTCTGAG	1920
5	TCCGAATCGC TATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAGTCTG AGTCGCTATC CGAATCTGAG	1980
	TCGCTATCTG AGTCTGAGTC GCTATCCGAG TCTGAATCGC TGTCTGAGTC TGAGTCGCTG	2040
10	TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAGTCTGAG TCGCTGTCTG AATCGCTGTC TGAATCTGAG	2100
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTATCTGAG TCTGAATCGC TGTGAGAATC TGAGTCGCTA	2160
	TCTGATGTTT CTTCTTCGTA GTAGCCATTA TCAAGTGTGA AATCATCATG ATCCGTAATT	2220
15	GTTACATCAA CTTCGCCACC ATCGGCATCT TTATCATCTT CAGTTGTATT TGTACCTGTT	2280
	TGAGTTAAGC CAGCAGGTTT TTCAAAGATA ACTTTGTATT TACCACTATC TAAATTATCA	2340
	AAGCGGTATT TACCATTTTC ATCTGTYTCA GTTGTAACAA TTACTTCGCC TTTTTCGTTT	2400
20	TGCAAAGTAA CTTTAACACC TTTAATTCCT TTTTCAGTCG AATCTTGTTT ACCATCTTTA	2460
	TTACTGTCGT ACCAAACATA ATCACCTAAA CTATATTTTG GTGTTTTGTA GAATCCACTA	2520
	TCTAATGTCA TGTTGTCAGC GTCTTTAATG ACACCTGTTG TAGTTAGTCC ATCAGAATCT	2580
25	ACAGCATCAT CTGTACCTAC ATTTGCAGTT GTCGGTGTAT AACCGGCTGG TGTTGAAAAC	2640
	TCTACACTAT AAGTTCCATT GCTTAAACCA GTGAACTGAT ATTTACCATT TTCATCTGTT	2700
	GTCGTACGAT CTAATCTTTT ACCGTTACTA TCTTTAAGAA TGACATAAAC ACCTTTAATC	2760
30	CCTTTTTTCAT TGGCATCTTG TTTACCATCT TTATTTGTAT CTTCCCATAC ATAGTCACCT	2820
	AGATTATATT TCTTTTGGTC GCCATTAGCA GTTGATGAGC CATTCACATT TGAATAACTA	2880
35	TTTGACCAAC TATATTTAGT TTTGTCAGTG TCTAAAGTAT AATCAATTTT TCCATTATCT	2940
	GTTGAACTAT TATCTGGATA AGCAACTTGT TGAATGATGT ATTGTTTATT GCTGCTTGTT	3000
	TGGCCTTTCA TTAAATCGAC TGTAGCTGTT TTATTATCAT TACTATAAAT AACATCGAAT	3060
40	TGATCAGTAA CATCTTTAAG TTTTGAAGTA TCAGGGGTGA AACTATCCAC AAATTGATTT	3120
	TGATCTGTCA CTTCGTAAAT TTTGAAGTTT TTTGCATTTG GATTAAATTT ATATCCAGTT	3180
	AAATTAGTAA CAAACGTTTG TTTAGTATAT GTATTTTTAG GTTGATTTAC ATATGCAGTC	3240
45	ATATTACGCG ATAAATCTTC ATTGTTAATA TAGTTTGTAC TTGAAATAAG CGGTTGTGCT	3300
	TTTTTATTAC CATAATCGAC AATGATTTCT TCGCTATATG TATCATTACC TAAAGTTACT	3360
	TCCATTTTAT AAGCTGTTTT ATCAGTTGTT GCATTTTTAC GTTTCGCAA TGCAACTTGT	3420
50	TCAAAGCTAC CTCTAACATT TGTATATTGA TCTACATAGT TCGTAAAAGT ATATGTTGTT	3480
	GTGTTTGTG TACTATCATA AATACCTTTT GCAATAATAT TACCTTGGGC ATTATATAAA	3540

55

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTGCTTT TAATTTTAAA 3660  
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAC ATGTCCTTTA 3720  
 5 TCAATCGCAA TGTCAATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTTGT 3780  
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTTAAAGTTC TTGGTTTAAT AGTCGTTGTT 3840  
 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900  
 10 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960  
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTGA CTACTAGTTT CTTTAACTGT TGCACTATCA 4020  
 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGGC TATTGTCTTT TAGTTGACGA 4080  
 15 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTTGATTGA 4140  
 TTTAATTCTC CATTCGTATG TTCTGCCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC 4200  
 20 AATGTTGTCC CTAATAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTTCTTAT CGAAAAATTG 4260  
 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTnCTA TTTGTnGCTG TCTTTTTATA ATTCATTTAA 4320  
 TAATACTCCT TTAAAATATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1060 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

30 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTTAA TAAGTTGCTT 60  
 TCTTGCATAA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTTA AACTAATAT 120  
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATTT TTTCACCAAT 180  
 CCTTTTGGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TGTATTATCA 240  
 ATTTCCACA TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300  
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360  
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTTGAAGA 420  
 TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480  
 50 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA 540  
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

55

	AAAGTTATTC CGCAATCATA TCGGTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT	720
	AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA	780
5	ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTTATG ATTGGATCCG	840
	AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA	900
	TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA	960
10	TAAcGrGCAT AGTGCATAAn yACTwCatTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA	1020
	TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC	1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1262 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

25	ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTAATAATAA TGAATATGTT ATAATTTTAA	60
	AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG	120
	AGATGATTGT AGTGTTCGTG CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA	180
30	TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG	240
	CTTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT	300
	GGTAGGAGCA CTTGTTTAAC GGAATTCAAC GTATAAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA	360
35	GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGACAG TGATGAGTAC	420
	GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG	480
40	AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT	540
	GCCtTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGCgT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGGAAA	600
	TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT	660
45	CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA	720
	TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA	780
	ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTGGACGT	840
50	TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT	900
	ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT	960

TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT 1080  
 TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT 1140  
 5 TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTTAATCCGT 1200  
 CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTAATTGGT CCCATTTGCG GTTCnGGTTA 1260  
 CA 1262

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1142 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

15 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC 60  
 TGTTGATTTT CTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT 120  
 25 CTTTCTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTTGTCGCGA TGATTTTGT 180  
 TTCAATTTGA CTCCACACA CTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG 240  
 CATCTCACCA GTTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTTGAC CGCCATATTT 300  
 30 AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAAACC ATTTCTTGTT GTTGGTGTGT 360  
 TAAGTCTTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAC ACCTGCACGA AACAACGCTT CACATGCGTA 420  
 AATATTTCCA CAACCTGCGA TTAATTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT 480  
 35 CTTATTAGAC TGTTGATGAA TTGATTTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAAGG 540  
 TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTTT 600  
 TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC 660  
 40 ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA 720  
 ACCGCCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG 780  
 45 AAAAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT 840  
 TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC 900  
 GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTT AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT 960  
 50 TCCTCTTTTT ACATGTTCTA CTTCTGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACCT CACTTTATTT 1020  
 TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTArTTGCAA 1080

55

TT

1142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1814 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTTA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
TTCATTGCCT CGCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTG	120
GTAAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
GCATAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
TTAGCAsymy CTGATTGAGC ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
TCCCCTTTTT TTTCTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
GATTCAAAAC CGTTTTACAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTTCATCTTC GTCAGTCTTG	600
TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
TCGTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATTG AACGCCTCAA TAACTTCTAA TACATCTTTG	840
TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
AACTCAACTA AGTTCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTAATTACTT CATTAAACGTT TTGTAATAAA	1080
TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCAITAAA TAAGTAATTT	1140
ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTCGTTTA CTTTAAACAT TTGTTCCCTC	1200
CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTCGAACGT AGATTGTGTC GTTTCTAAC	1260
CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440  
 TAACCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500  
 5 ATTCCTTAAT TCAGCTATAC TTTTTTGTTT TGCACATCTCT GCTGTAATTT CTTCTTTAGC 1560  
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATTC AGCATACCTT GTTTAACATA 1620  
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680  
 10 AGGATCATT ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAAATGTC TTAATCATC 1740  
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800  
 ACCTAACGCA TAAA 1814

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 686 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTnAGATT ATTACCCTCC TTTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60  
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTGGTATT TGAAAATGTG CAAAATTTAA 120  
 30 TCTTATATGT TTCTTGGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180  
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240  
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300  
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360  
 ACTTGGATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCAAAAA ATACGCAAAA 420  
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAAA TAATGTTTTT 480  
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCTATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAACCTC 540  
 TTTAATGTTC AGTTTGAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600  
 45 ATGTTAATTT TTTATTTTTA TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTTT TAATACCAAC 660  
 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1300 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60  
 CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120  
 AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAAATGCT GATTTCATGC GTTCAGCAAT 180  
 10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240  
 TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300  
 TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360  
 15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTcAGG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420  
 TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480  
 20 ACGATTATTA AATTACAItA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540  
 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTAA 600  
 AGAAGAGTTC GGTTcAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTCATCTA 660  
 25 TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720  
 TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTtyCTG AAGAACAAC TGTGATTAT TCTAAAGCCC 780  
 ACAATGAACC TTCTTGGATG ACAGAATTAC GTAAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAACTT 840  
 30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900  
 AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960  
 AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAACT TAGTAATTCA ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020  
 35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080  
 CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140  
 40 ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200  
 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260  
 ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTACTGAAGA 1300

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTTCGAG	60
	ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAACTGAA GATGTTAATG	120
5	AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA	180
	CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG	240
	ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACTTTtag AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT	300
10	TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT	360
	TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT	420
	TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC	480
15	TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG	540
	TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA	600
20	GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTGATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA	660
	TTAAATTGAT TGGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA	720
	CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG	780
25	TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA	840
	CAGGTAGTGC CGTTGTCAGT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC	900
	ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAGA CAGATAAAAC ACGGGAAATG ATGGATTCAG	960
30	ATGCAGAAAT TAATATTTAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG	1020
	GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTAA	1080
	GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC	1140
35	CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT	1200
	TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAGTA	1260
40	AATGAAAATA CACCAAAATT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA	1320
	AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGaAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA	1380
	GTTCAATTTAA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAAGAG CAAGGTAAGA	1440
45	AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA	1500
	GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAAATTGT	1560
	CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT	1620
50	TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTA AAC TCTGTCAATC	1680
	CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG	1740

55

	AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC	1860
	AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG	1920
5	CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG	1980
	AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA	2040
	TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA	2100
10	TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG	2160
	GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCCTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT	2220
	TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCGAAT	2280
15	GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA	2340
	GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG	2400
20	GAATATAITTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACTTTATT	2460
	TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC	2520
	GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA	2580
25	GGAGCTATAT ATATCGCAA TTTATTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA	2640
	CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT	2700
	TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtGCACA TATCGACATA	2760
30	CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA	2820
	CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT	2880
35	ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAT TATGAATTAG CAGGTAAACT CATGCAACAA	2940
	GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTGATGA AGTGAAAACA	3000
	ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA	3060
40	ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA	3120
	TCATGCCATT CTGAA	3135

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1209 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

50

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

55

	AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTCATGG	120
	TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAAGC ATAAAAGTGT	180
5	TAGTGACTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GCGGTTACCG TTGCAACACT	240
	AAAATAAATT ATAATTTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG	300
	AATACATTTT AAACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG	360
10	AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA	420
	TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC	480
	TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG	540
15	AATTAGCAGC TGAATATGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAATC	600
	CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTTAAAGACG	660
	GTCAACCACTG TGATAAAGTT GTTGGTTTCC AACCAAAAGA AAACCTAGCT GAAGTTTGTAG	720
20	ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA	780
	GTTTTTGT TTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC	840
25	TTGAGAAATG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG	900
	ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC	960
	ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAGTAGAA TTAGTGGTGA TAAATTTGAA GCACTTTTGT	1020
30	AGCATCATTC ATTTTAAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTGT GAAGACTATA AGCAACGAAT	1080
	TAAAAATAAA TTAAATGTCG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA	1140
	TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT	1200
35	TCACGGGTG	1209

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 2410 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

	AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC	60
50	TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT	120
	AACGTATCAT CACCCGCAGT ATGGTCCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTTCCT	180

55

	GCATCTTCAA	CTTCAAAAGG	CCCAATCGTA	TAGCCTGAAC	TAATAATAAT	GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA	ACCAGAAATA	ACCATCATCA	TCTACATGAG	CTAAGTCACC	AGTGATGTAG	360
5	TATTtACCTG	TTTGCGCTTT	CGCCGTACGT	tCTGGCTCTT	tATAATACCC	TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT	CAAGTGGTAC	TGCAATATTC	CCTTTCGTAT	TAGCAGGTAC	GCTATTCCCC	480
10	TCATCATCTA	CTACAGTGAC	CGAACTACCC	GGAATGCCTT	TACCCATTGA	TCCAATCCTC	540
	TGTGGTGTAT	CTTTTAAAAA	GCCTATAAGC	AAGGTACTTT	CAGTCTGGCC	ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA	AATTAAAGTA	TTTCTTGAAT	TGTTCAACTA	CTTCTCGATT	TAGTGGCTCA	660
15	CCTGCAGAAA	CGGCACTATG	TAAATGCGTT	AAGTCATAAT	CATTTAAGTT	CTGTAATTTA	720
	GCCATCATAC	GATATTCTGT	CGGTGTACAA	CATAAAACAT	TAATTTGATA	TTTTTGAAGC	780
	AATTCTAAGT	ATGTTTCAGG	ACTGAACCTT	CCATTAAATA	CAAAAGCAGT	TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG	ATAAGAAAGG	ACTCCATACC	CATTTTTGCC	AACCTGGTgc	TGCTGTTGCC	900
	CAAACTAAGT	CATCTTCATT	aATACATaAC	CAATGTTTTG	GTGCCATTG	TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTC	CATGACAATG	TGTAACGGCT	TTAGGATTGC	CAGTTGTACC	AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG	CCATATCATC	ACGCGTCGTA	TCTGCCATTT	CTAGTTTGTT	ACTTGCGTTT	1080
	TCTTTTTTCAG	CTTCAAGTGA	AATCCATCCA	TCTTTTTTGAC	CGGCAATAAC	AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT	ATTCTTTAAT	TTTTTCAAAT	TCAACTGTGA	ATGGCTCTAG	TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT	CACCATGTGT	GATACGGTAT	TGTAAATCTT	TAGTTCTTAG	CATTTTCAGAA	1260
	CATGGAATGA	TTGCAACACC	TAATTTTAAA	GCAGCAATAT	ATAATTCATA	CGTCGCAATA	1320
35	GATCGTGGCA	TCATAATGAG	TACTTTATCG	CCTTTAGATA	AACCGTGCGA	TGCTAAAACA	1380
	TTACCTACTT	TATTAGACTG	TTCAATGAGC	TGTTGGTAAG	TGACTGATAT	ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT	GATATAAAAT	TGCCTTTTTA	TCTGGTATGT	GGCTATATTT	TTCGATTTC	1500
40	GAAATAATGT	TATATTTTTT	AGGCGCGAAT	AGAGCTGACT	TTTGCATAAC	TAACTTCCTT	1560
	TCATACATCC	ACTTTTCCTG	TGATGAACAT	TGTAATTTTA	TAAATGAATT	ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC	TTTACAGAAT	TTTCAATTAA	ATAGGGTTAA	ATACCAAAGT	CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC	ATGACGTAGC	ATTCAAGGAC	TTTCAAATGA	TTGAGGGTTG	ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA	TCAGCTAATT	CAATACGAAT	ATTGTATGAT	AATTCACGAT	TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA	CCTTTCGAAG	TGCCACGATG	CTTGTGTGTA	TGCTTGTA	CTGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA	TAAATGCTT	GCCTATTTTC	CCACAGCGTA	ATAATGATAT	AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA	GGTCTTAAAA	ACCTTAATGC	TTTAAATCCA	TCAACGTTTT	TTAAATGCTT	1980

55

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTTGATAA ATCATTTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100  
 TGCAGTGTCA TTATTTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160  
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTATAT TTTTGGTCAT 2220  
 ATTACTkTAT ATCTATTACT AAtkCATTCC CGTATTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280  
 TyCTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAA GTATTAATAT TTCATGCAA TGGGGGACAG 2340  
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400  
 AATAGCCGAC 2410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 590 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAACTACA 60  
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120  
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180  
 30 CGAACAGCGG GTTTTAACAG TATAGATATA GCAAGCATT rCAAATCTAC CGCATtAaTG 240  
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300  
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTTGTA CTAAATTATA KACGTAAAGA AAATAATGTT 360  
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAAC TATCTATTGT TACCATTAAAT 420  
 ATCTCATTTT TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480  
 40 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTG GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540  
 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 905 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

TATTCGATTT GAnTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120  
 TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTCAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180  
 5 TTCAATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTTGT 240  
 TATATCATGC ATCACaACTA AAATCCcLTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAAATCGG 300  
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC 360  
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACTTTC TAAAATTAAT TGCTCAATT CAGTATTAAC 420  
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAACTGTT CATAATACGC 480  
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTCG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540  
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600  
 GCGTCGTGCT AAATCATTGG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTTCTACAA CATTACTTTC 660  
 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTCG CAACAATTGT GTTGcATAAG TAACTTCTTG 720  
 20 AATGGGACGG ATTAATGTAC GCTTAAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780  
 AACTAAACAT GTCAAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCAA TGCATTTCTG TAATATCGTT 840  
 25 ATTGTAACCT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900  
 CCTTT 905

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1016 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

40 TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60  
 CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120  
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180  
 45 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240  
 AAGATTTGAt AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300  
 ATAAAAAGAC ATATATGTTT TATAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360  
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAATGTC TTAATATGGT 420  
 TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGGCGGGT 480

55

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTTT GGTAAAATAG 600  
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660  
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTC AGTTGGGGCT AGTGGTGCTA 720  
 TATTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTTAACAAAA 780  
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTCTTCT CTGTTTATGT 840  
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCATTGG TGGTTTATTA ATAACTTTAA 900  
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGtAATA TTTTTTGGaT TTaCtAATTG GTATGctTgt 960  
 tATATTTAwT GCACyTCmAA TTagAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016  
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TTAAACCTC TCTTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60  
 ATTTCAAATG AACAACTACTA TTGCTTGAGA CCATTAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120  
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGCAATAT ATCATTACACA AGTACACCAT 180  
 TTTCCGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TTAAACAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240  
 TAAATTGTTG AAGACCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTTAACAAATG 300  
 35 CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ACtTCGTTAC AATCaTCGTG 360  
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCCTCGTAAT kGATTAAGTA TATTAT 406

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAAACCTT 60  
 AACACCATCA AATTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

AGGTACAGCG TTAAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG 240  
 TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AACTGAAGG GCTTTTCATC 300  
 5 AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT 360  
 TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGGAGGAGA TAGATTAAGC GAAGTCATTT 420  
 AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAAn TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG 480  
 10 TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAAnCC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA 540  
 ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA 600  
 CTGCACATAG CTTTTAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA 660  
 15 ATAGTACTTT TAACCAGCTA TGCTAAAAGT CTAGTAGGGA GAACAGTTGT CCAATCACAT 720  
 AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAATACAA 780  
 20 TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT 840  
 GTATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAGA GATGAAGGA ACGACAGTTT 900  
 aATTAAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGcTGTTc 960  
 25 GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTAA AGAGTGATAA 1020  
 ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTCTCTTT CGTTCAAgAG 1080  
 AAGCAGCTGT TCGCagTTTA ATCAAAACCA CATAAGCTT TTAACTTTAC TCTTTGATTT 1140  
 30 AAAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AAAGTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT 1200  
 TTCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGCGA TCGGGAACGG TATATATATT 1260  
 AATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA 1320  
 35 TGTTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA 1378

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4171 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:

TCCCAACCAA TAATCGTGGC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA 60  
 50 TCGTTTAATC ATACATCCCC CCTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG 120  
 AATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATTCTTC TTACAATTTA CATTTTTAAA 180

	TTATATTCTA TTCAATTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTTAAT CAGTATTTAC ACTTTATTTG	360
5	CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT CTTCTGTTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTTAAAATAA	480
	TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA	600
	ATGCCCTTTC ATCACAAACA AATGGTGATG ACAAATTGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT	660
	CTCTAAACAT GCAGATAACA TTaAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTaACA ATTGCCGGTT	720
15	CACGTGTTAT CCAAGTTCTT CCGTCACTTT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC	840
20	CATCATGTTT ATAACCTCTGA ATTTTAATGT TTTCCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA	900
	CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCAGAAA	960
	TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAAACTC	1020
25	GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTAAAGT ATATAAAATC	1080
	ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTAAAGA	1140
	TATCATTTAT ACTTTTTAAA ATTAATGTCA CTATGTTTTT CGATAATATT ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTCAGTCAT TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATTGC CACATACCAT GCAATAATTT TTCGCTACGC	1500
	TTTTGCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT	1560
40	TTTTTACTTA CATTTTTAGA TTTAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT CTTGAACTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC	1680
45	GCCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT	1740
	AATTCTTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCCG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTa CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG GAACTAAGCC TTCATATTTA TCATGAACTT CTTTAATCGC CGTATGAAAA	1980

55

	GCTTGaCTCA AAACCTCCAC AGTTGGAAAT CGTTCAACAA AACGATGATA ATAGTCAATA	2100
	ACTGTTTTAA CTTGTGTCTG TTGTAACATG ACCTCACTTA ACCAAATATA GTACGGATTG	2160
5	GTCGTTTGTC GCCATGGCAT TTCTCTTTGA TTTTCATCAA ACCAGTGTAT CAAATTTTCT	2220
	TTAAAACTAG ACTGCTGATA CATTTATAAA ACCCTTTCTT CACCAAAATT AATTGTCTTT	2280
	ACTCATAATG TTTTTATTGT ACATTAAAAAT CATGGTTAGT ATGTAAGTTA ATTTAGTTAT	2340
10	TTGCGAAATT GGATTATAAT AGTATATATA ATATTATGAA ATGAGTGAAC TGATATGGAC	2400
	ACTGCAACAC ATATCGCAAT TGGGGTGGGC CTTACAGCAC TTGCAACTCA AGATCCAGCA	2460
	ATGGCTTCTA CGTTTGGTGC AACAGCTACA ACCCTTATCG TTGGTTCATT AATTCCTGAT	2520
15	GGGGATACTG TTCTTAAATT AAAGGACAAT GCAACATATA TTTCGCATCA TAGAGGTATC	2580
	ACGCATTCCA TCCCTTTCAC AATACTATGG CCAATTTTAA TTACATTTTT AATATTCACG	2640
	TTCTTTTAGTG GAACCAACCC ATTTTCATGTA TGGATGTGGG CTCAGCTCGC AGTATTTTTA	2700
20	CATGTCCTTG TAGATATATT CAATTCTTAT GGTACACAAG CGCTTAGACC TATCACAAC	2760
	AAATGGATT C AATTAAGTGT GATTAACACA TTTGACCCTA TTATTTTCAC AGTTCTTTGT	2820
25	ATTGGTATTG TATTATGGGT TATAGGCTTG CATCCATTG CAGTCTTCTT TCCTATAATC	2880
	GCTTTACTAA TCATTTATTA CATGATTCGT TTTAAATGA GAGCCGTAAT TAAGCAACAA	2940
	GCTTTAAAAG CAATTCAACA AGAGCATCAC CCTGTTAAAG TATTTGTTGC GCCAACAATA	3000
30	AAATTTATGG AATGGCGTGT CGCGATACAA ACTGATGCAC ATGACTATGT TGGAAAAGCA	3060
	TATGGTAGGA ATGTGGTGTT TAGTGATAAA GTGGAACGTC AAACATTATC AACAGACTCC	3120
	ATTTTATGGA AAGTCAAAGG TAATAAAGAT ATACGTACTT TTTTAACTT TTCATCAATC	3180
35	TATCGTTGGC AAACAACAAC GTTAGCAGAT GGTTCTACTG AAATTCGTTT GATTGATTG	3240
	CGTTATTTAA AAAATGATCA TTATTCATTT GTGGCAATTG CACATGTAAC AAACGATAAT	3300
	GTCATAGACC ACTCTTATAT TGGCTGGGTA TTTACAGAAG ATAAGTTACA ACGTAACTG	3360
40	TATGCTAAAT AATTTCAAGT TATTATTCAC TAAAGTTAAT CTATAAAAAA TGAACAACCG	3420
	GGCAGAATGA AAATCAAAAC GATTTTTACT CTGTCCGGTT TTTAATGTA AACTATGAA	3480
45	TGCTTTTACA AAATCTAAAA TTTATATTGT TGCTAACAAA CTACCTTTAA TGACTCGAAA	3540
	TATCAAAATC AGTATAGGAA AACAATATCT AGATGATATT CTAATTGTTT CTGATTCTCA	3600
	CAGATTAATT TACACAACAG GTCAGCTAAA CATCATGAAG AAGTATCCGC CTCGTCTGTA	3660
50	CTATCATTTG AAACATCCTG TTGATTATCa GTTTGTGTCA CTTTAGATGT TTTATTaTAA	3720
	ATTGCGTGTG TCGTATACCT TGCTAATACG AAATTTACTG CAGCTATTAA ACATAAGAAT	3780

55

TGTGCTATAC CATTAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAT 3900  
 ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960  
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGwT AACAGTCGAA TAAGACCAA AGTAACGGAT 4020  
 ATTAATCCTA CAAAAATAGT TGCCATCACA ATAAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080  
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140  
 10 CTTAAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9821 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAAATaG GGGCTTTCAA 60  
 25 AATAAtCAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120  
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180  
 TACAACTTAT CAAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240  
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTTAC 300  
 ACCAGAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360  
 AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420  
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480  
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTTTCAGTG ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540  
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600  
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660  
 AACAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAAA 720  
 45 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780  
 TTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAACTTAT 840  
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTTGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900  
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960  
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGGAA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGG GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTTGTTAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTG GATAAGTCTG AAAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
10	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTTAAAGTTC AAAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAGAAAA ATTAGCTCTT	1500
15	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAAAAAGC TGAAAATCAA	1560
	TATAAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTAAGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAACTAAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCTACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTTGT TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAAACTA AAAGTGCAAA ATGACAATCT TTCAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAAG AATCATAGCG CTAATGTGCG AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAAA	2160
	CGAGTGCAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
35	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGaAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
40	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CAGcAGaAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCGG TTTAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
45	TGGGAGATGC ATTAAAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAAA TTAGCAACAG	2820

	CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG	2940
	CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GGCCTTTTGT	3000
5	AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG	3060
	GATTAACAAA ATTACTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG	3120
	TAGGCTTAGC AATTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA	3180
10	TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA	3240
	ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTAGGTCTT CAAACATTAT	3300
	TTCTTGGTTC TACAACAGGA AAAACGTCAA AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT	3360
15	TGTTTAATTT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT	3420
	TCAAACTTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAAATC CTTATTTGCA GTAAGTGGAG	3480
20	GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAACAGG ACCTATAGGT GCTACAATAA	3540
	CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA	3600
	GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAA ATTATTGGCG	3660
25	GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA	3720
	AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC	3780
	TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTAAAGGAT TTATGCAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA	3840
30	AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT	3900
	TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA	3960
	ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAATTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT	4020
35	CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAA GAAATAAAAA GGAACCTGAA AAAACTCAAG	4080
	AACTTATTGA TAAGTATAGT GCATTCGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAC TAGAA	4140
	CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG	4200
40	AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTTACA AAATGAAAGA AAAGAAATTG	4260
	AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG	4320
45	AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG	4380
	CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA	4440
	AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA	4500
50	AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT	4560
	CTAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAGAAA	4620

55

	GTGGTGGTC TAACTTTAGA GAAGACCAAA AGAAGAAAAG TGATAAATAC GCTAAAGAAC	4740
	AAGAAGAAAC AGCTCGTAGA AACAGAGAAA ATATAAAGAA ATGGTTTGA AATGCTTGGG	4800
5	ACGGCGTAAA AACTAAAACCT GGTGAAGCCT TTAGTAAAAT GGGCAGAAAT GCTAATCATT	4860
	TTGGCGGCGA AATGAAAAAA ATGTGGAGTG GAATCAAAGG AATTCCAAGC AAATTAAGTT	4920
	CAAGTTGGAG CTCAGCCAAA AGTTCTGTAG GATATCACAC TAAGGCTATA GCTAATAGTA	4980
10	CTGGTAAATG GTTGGAAAA GCTTGGCAAT CTGTTAAATC GACTACAGGA AGTATTTACA	5040
	ATCAAACTAA GCAAAAGTAT TCAGATGCCT CAGATAAAGC TTGGGCGCAT TCAAAATCTA	5100
15	TTTGAGAGG CACATCAAAA TGGTTTAGCA ACGCATATAA AAGTGCAAAG GGTGGCTAA	5160
	TAGATATGGC TAATAAATCG CGCTCGAAAT GGGATAATAT TTCTAGTACA GCATGGTCGA	5220
	ATGCAAAATC CGTTTGGAAA GGAACATCGA AATGGTTTAG TAACTCATAC AAATCTTTAA	5280
20	AAGGTTGGAC TGGGGATATG TATTCAAGAG CCCACGATCG TTTTGATGCA ATTTCAAGTT	5340
	CGGCATGGTC TAACGCTAAA TCAGTATTTA ATGGTTTLAG AAAATGGCTA TCAAAAACAT	5400
	ATGATTGGAT TAGAGATATT GGTAAAGACA TGGGAAGAGC TGCGGCTGAT TTAGGTAAAA	5460
25	ATGTTGCTAA TAAAGCTATT GGCGGTTTGA ATAGCATGAT TGGCGGTATT AATAAAATAT	5520
	CTAAAGCCAT TACTGATAAA AATCTCATCA AGCCAATACC TACATTGTCT ACTGGTACTT	5580
	TAGCAGGAAA GGGTGTAGCT ACCGATAATT CAGGAGCATT AACGCAACCG ACATTTGCTG	5640
30	TATTAAATGA TAGAGTTTCT GGAAACGCCC CAGGTGGTGG AGTTCAAGAA ATAATTCACA	5700
	GGGCTGACGG AACATTCCAT GCACCCCAAG GACGAGATGT GGTGTTCCA CTAGGAGTTG	5760
	GAGATAGTGT AATAAATGCC AATGACACTC TGAAGTTACA GCGGATGGGT GTTTTGCCAA	5820
35	AATTCCATGG TGGTACGAAA AAGAAAAAAT GGATGGAACA AGTTACTGAA AATCTTGGTA	5880
	AAAAAGCAGG GGAATTCCGT TCTAAAGCTA AAAACACAGC TCATAATATC AAAAAAGGTG	5940
	CAGAAGAAAT GGTGAAGCG GCAGGCGATA AAATCAAAGA TGGTGCATCT TGGTTAGGCG	6000
40	ATAAAATCGG CGATGTGTGG GATTATGTAC AACATCCAGG GAAACTAGTA AATAAGTAA	6060
	TGTCAGGTTT AAATATTAAT TTTGGAGGCG GACTAACGCT ACAGTAAAAA TTGCTAAAGG	6120
45	CGCGTACTCA TTGCTCAAAA AGAAATTAGT AGACAAAGTA AAATCGTGGT TTGAAGATTT	6180
	TGGTGGCGGA GGCATGGAA GCTATCTATT TGACCATCCA ATTTGGCAA GGTTTGGGAG	6240
	TTACACAGGT GGAATTAACT TTAATGGCGG TCGTCACTAT GGTATCGACT TTGGTATGCC	6300
50	TACAGGAACG AACATTTATG CTGTTAAAGG CGGTATAGCT GATAAAGTAT GGAATGATTA	6360
	CGGTGGCGGT AATTCTATAC AAATTAAGAC CGGTGCTAAC GAATGGAAT GGTATATGCA	6420

	ATCAGGTGCT	ACAGGTAATT	TCGTTAGAGG	AGCACACTTA	CATTTCCAAT	TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA	GGGAATGATA	CAGCTAAAGA	TCCAGAAAAA	TGGTTGAAGT	CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT	CGAAGTGGTT	CAGGTGTTAA	TAAGGCTGCA	TCTGCTTGGG	CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA	GCAAAACGAA	TGGGTGTTAA	TGTTACTTCG	GCTGACGTAG	GAAATATCAT	6720
	TAGCTTGATT	CAACACGAAT	CAGGAGGAAA	TGCAGGTATA	ACTCAATCTA	GTTGCTTAG	6780
10	AGACATCAAC	GTTTTACAGG	GCAATCCAGC	AAAAGGATTG	CTTCAATATA	TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT	TATGCTGTTA	GAGGTCACAA	CAATATATAT	AGTGGTTACG	ATCAGTTATT	6900
	AGCGTTCCTT	AACAACAGAT	ATTGGCGCTC	ACAGTTTAAC	CCAAGAGGTG	GTTGGTCTCC	6960
15	AAGTGGTCCA	AGAAGATATG	CGAATGGTGG	TTTGATTACA	AAGCATCAAC	TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA	GATAAACAGG	AGATGGTTAT	CCCTTTAACT	AGACGTAAAC	GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAGTGAA	CAGGTTATGC	GCATATCGG	TATGGATGGC	AAGCCAAATA	ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT	ACTTCTACAG	TTGAAAAATT	GTTGAAACAA	ATTGTTATGT	TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA	TTAACAGATG	CGTTGATTCA	AACTGTTTCT	TCTCAGGATA	ATAACTTAGG	7260
25	TTCTAATGAT	GCAATTAGAG	GTTTAGAAAA	AATATTGTCA	AAACAAAGTG	GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAAT	AATTATATGG	GAGGTTTGAC	TAATTAATGC	AATCTTTTGT	AAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA	AGGAAGAAGT	AATAACAGAT	TTAATCAGC	TTATATTTT	AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC	CAACACCAA	TGATAACAGT	GTAAC TATTA	ACGGAGTAGA	TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA	TTAGTTTTGC	GCCTTTTTCA	TTAGTATTAA	GGTTTGGCTA	TGATGGTATA	7560
	GATGTTATAG	ATTTAAATTT	ATTTGAGCAT	TGGTTTAGAT	CTGTGTTTAA	TCGCAGACAT	7620
35	CCTTATTATG	TTATTACTTC	TCAAATGCCT	GGTGTTAAAT	ATGCAGTGAA	TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA	ATTTAAAAGA	TGGTCTTCA	ACTGAAATTG	AAGTAAGTTT	AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT	CTGAATCAGT	TAATTGGACC	GATAGCGAGT	TCTTATTCGA	CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA	ATGGAATTCC	TCTTGATTTC	ACACCTAAAT	ATACTCATAC	ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT	GGAACGGTTC	TACTGATACG	ATAAATCCAC	GATTCAAGCA	CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAATTA	ATTTAAATGC	GAGTGGAGGA	TTGAACTGG	TTAATTATAC	AACAGGTGAT	7980
	ATTTTTAAGT	ACAACAAAAG	TATAGATAAA	AACACTGATT	TTGTTTTAGA	TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG	ATATAAACAG	AGTGGAATT	GATACAAATA	GAGGCATTAT	AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA	ATGAATTTAA	GATTaAAGGA	GACGTCAGTG	ATATTAAAAC	TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA	TTTATAGGTA	GGTGATTTAA	TGGATTATCA	TGATCATTTA	TCAGTAATGG	8220
55							

	ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA	8340
	GTTTTGTTTT TGATTTATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA	8400
5	CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT	8460
	ATCACATAAT GTATGAATTT CAAAATCACT CAGTGGAAATC AAATAAGCTT GATGACGACA	8520
10	GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTAGATGA GTACTTAAGA TATGGATTTG	8580
	CAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA	8640
	TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT	8700
15	TGTTTGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCT CCTGAAACAT	8760
	TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA	8820
	CTGTCAGTAC GTTGGAATTA AGAACAGCTA TAAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG	8880
20	AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA	8940
	TAAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT	9000
	GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT	9060
25	ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTC TTGTTTTGCT AAGTCGGTTC	9120
	AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATAAaAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA	9180
30	TATTTTTtGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC	9240
	CTTGATGTA TGTTGGAAC TAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG	9300
	GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGCAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA	9360
35	TTCGATATGC TAATACGCAA ACAAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT	9420
	TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT	9480
	ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA	9540
40	CTGAATTAAA GGTTGTTAAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG	9600
	TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCA ACAAGCGCTT AACAGACGAG	9660
	TTATTGCACA AGATAATAGA TATACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA	9720
45	GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC	9780
	AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGCTACTTGA AAACGATAAA C	9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1017 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5 TTATTGTTTT CCAAATGGTC TTCTCGGTTA TTTAACCATC GGTTCATC CTACGTGCTT 60  
 CACTTTCTAT CtATTAATTC AaTTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT 120  
 GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA 180  
 10 TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT 240  
 TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA 300  
 GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAATCTCC 360  
 15 CAAATAGCC AGTTCAAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA 420  
 AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC 480  
 CTCATCATTT TCACCTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC 540  
 20 GTATTTTAAG TTAATCGATT GGGCTCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAATTTATT 600  
 TAAATTGTTG CGTTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTC AATCCTATAA TGTGATGCGC 660  
 25 TTTAAAATAA TAAATATTTT GTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC 720  
 TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT 780  
 AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAAT AACAGCCTAT 840  
 30 ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAATAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA 900  
 AGGCATACCT TCATTAACTT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTTG 960  
 ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCaA TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC 1017

## 35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 6806 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45 TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTCA 60  
 GACTCACTGA TATTAACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTAAAATTTT ATATGCTGTG 120  
 50 TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA 180  
 TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT 240

55

	TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGTaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAACTGATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTCAAC GAATCAATAA TTAAGTTGTA TACATTATCA TCAGCGATTT CAACTAAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTTGTT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
	TTGGTCGTTT AACGCCATTC CCTCTTTTTT GTTAAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAAT	780
15	AACITCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTTT TAGTAACAAT	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTT TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
20	AACITGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
	TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAAA	1080
25	CTAAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAATA TATAATCAAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGAACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAAAAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTTGTTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCITC TTTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
40	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTTTCAGT CCTGAATATA GTAAAATCAT GATTGCAGTT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCGGCG CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCTGA	2040

55

	GCAATATTAC TAAAACCATA CCAATGTAAA TGATAGCCAT AATCGGTACA ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC AATACTACGT ACACCACCAA ATATAATAAT AGCTGTTACG ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT GATTACTGGA CTAATATTAT ATTGCGTATT TAACGACTCC GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC TGTGTTAAAT ACAAATGCAA ATGTAATTGT AATTAAAAATC GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA TTTTGTGATT AAACCTTTAG TAATATAGTA AGCTGGACCA CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT ATCATGTACT TTATAAACCT GAGCCAAAGT CGCTTCTATA AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT AAATGCAATA ACCCACATCC AAAATACTGC ACCTGGACCG CCTAAAACAA	2520
	TCGCAGTCGC AACACCAGCA ATATTACCAG TACCAACTCT CGAACCAGCA CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGA TGGCGAAATA CCCTTCTTAC CATCTTCTAA AGTTTCTGGA CGTTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA CATTTTCAGGT AACATTCGTA ATTGAACGAA TTTAGAACTA ATCGTAAAGA	2700
	AGAATCCAGC TGTCAATAAT AGACCAATTA AATATTGAGA CCATATTAAA TCGGTACCAA	2760
20	CATGGACAAA TTCTTTAAAC CATCCAGGTA TTAAACTATC GAAATCTTTC AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC TCTACATGAA TCATGTACCT TCTATAAAAT TAGACCGAAT TGAACCTTCA	2880
25	GTAAATATAG AGATACATCA TCATTTCTTA TACAATACAA GAGATTTATA TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT CGCTAATTTA ACGATAAGTA CTGGTCAGC ATTTAATATA AATCCCTTGA	3000
	ATTTAGTCAA AATTTAACAT TACTGTATTT TATCATTTAA TTTCGTGATT GCATATAGTT	3060
30	TTTAGCTAAT ATACATGTCT ATTACTTCAC CAAAATCATC TGTATCTACA ATGAATGAGC	3120
	CATTTGTATA TTGTTTCAGAT TTATGAATAT CATTAATTAA ACCATGTTCT TCATTTGATT	3180
	TTGAATATAA TGTATATTGA CTATGTTTAC CTGTCACTAC ATGTGCAGCT ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT CTTTAATTCT TTAAATAAAG TTATTCCaCG TTGTGCTCTT TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT AAAACTAATA CGTTTTAACG AGCCGCGTTG TGTGGCCATC AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA AACACCTTCT GTCATAACAA CGAAATCTTC AGCTTTAAGA TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC TGCCCTTAAT CCGGTATCTG ATAGTTCACT TGTATTATAC GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT AGTAATGACG GTAATTAATT GATCTTTTTT AAAGCGCATA AACTAATCA	3540
45	AATCATCATT TTCTTTAACT TTAGTAGCAA TTAAAGGTTT ATTTAAACGC GTTGTTTTAA	3600
	ATAGAGGCAC TGTACTTTTC TTAATCATGC CATTTTGAGT CGCAAAAACA TAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA GTCCTTTTCA TTAAAGACAT TAATAACCAC TTCATCTTCT TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA TACATGTTGT CCCAATTCTT TCCAACGAAT ATCTGCTAAT TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG ATAACGACCT TTATTTGTAA ATACTAGTAC GGTATCTTGC GTATTTACTT	3840

55

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAATAT ATCCATGACG TGTCACTACTT AAAATAACTY	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTC TTCAATTTCT GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTG AATTTCTTTT TAATTTTCATT CAATTCCTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTT ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCCTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTTAGAG CWACGAATCA ATTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTTCTGC ATTATCTAAT TCAAACCTCG	4380
15	TTCTATTTGC AACAACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
20	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTTGA TTGATTCAT GTTCACATCT TTTTCAATT	4560
	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTTCATCAG TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTG AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTTCACTTCAT	4680
25	ATGGAATTC AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTTTAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCAGTT GGAAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTTCATT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGGTAT ATCTGTCGCG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATTG ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATTGGTT CGAGTGTCGT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACCTTTC AGCTAGTAAG CTTAACCTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTA TTACCATGCA	5160
40	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAAT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
45	GTA CTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTAC	5460
	TCACTAGATT TCCTCCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGACTT CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT TGGTCCTCTT GCATACCAAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTA CT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTTCATCTT	5640

AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTTAC CAAGTTCCTTT 5760  
 TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCA ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT 5820  
 5 ACCTTTTTTC AATTTATAAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG 5880  
 CGGTTTCATA TATTTGAAGA AGAATGTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT 5940  
 ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGATT ATAATTACTA TCTTCAATTT TAAAGTCAGT 6000  
 10 ACCAACGCCT GCCCCGATTG TGTGGATAAT TGTATTAAAT TCTTCATTTT TAAAAATATC 6060  
 TTCTAGACGT GCTTCTCTG TATTAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGGAA 6120  
 TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA 6180  
 15 TTCATTTTTT TCAGTGTTTT TACTTTGTGC AGGTGTTAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC 6240  
 TTTACGCTTG TTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTTACGTG CAGCTTCCCT 6300  
 TGCTTGTTGT GCTTTAATCG CTTTTTCAC AAGTGATTTA GACAATTGTC CTTTTCTTC 6360  
 20 TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACTTCTAG CTTCAGAAGT 6420  
 ACCCAATTTA GATTTCGTTT GTCCTTCAA TTGCAATAAT TCTTCTGGAA TACGAACAGA 6480  
 25 CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTTGTTTT 6540  
 AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAACC 6600  
 AACTTCATGT GTACCACCAT CTTTAGTACG TACATTATTT ACAAACTTA AAATACTTTC 6660  
 30 TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTACCTGA 6720  
 AAATGTAGCC ACGTCATGCA AAATTCTTT TCCTTCATTG ACATACTAA CAAACTCTTT 6780  
 GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT 6806

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1716 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

GGGGCAnAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn 60  
 TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA 120  
 50 TTGAATTTAA ACATTCTTTT TACACCCCTA TTCGTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT 180  
 ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACTTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC 240

55

CCTTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA 360  
 TTTTAAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGGATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT 420  
 5 TGTTTACTCA TTTTCTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA 480  
 GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTCTGTC ATCGTCTTTC 540  
 ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT 600  
 10 AAACCTTGTT GTTGAATTCT TTGTGCAAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA 660  
 ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTGTAAAT CGCTTCTTCT 720  
 TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTGAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT 780  
 15 TTGTACTCGT CTACTGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTTT ATCTGTTAAT 840  
 TCTGGGACTT CTTTAAATTT AATTTGTTA ACTTTTGTTC TGAAAGTTGC TTCTTTACCG 900  
 20 GCTAATTCTT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA 960  
 ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTTCT 1020  
 AAATCGTAAC CTTCAGCTTG TCCACCTTCG AATTCTTCTC CGTCAACTGA ACCACTAAAG 1080  
 25 TCGATGTTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAACGAC CATTTCAGCT 1140  
 AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACATCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT 1200  
 TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTAA CTTCTGGCTC AACTGTAAC 1260  
 30 GTTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCtGGTTGT 1320  
 GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG 1380  
 TCGATAGCAT CTGATATAA TGCTTCTACA CCAAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC 1440  
 35 ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA 1500  
 TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAACC TTCGTTACCT 1560  
 TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTCATGTAT ATATACCTCC ATGATTAAC 1620  
 40 TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT 1680  
 TATATATTTG TAAATCAACT TTTTTCGTCA AAAC 1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 795 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTTCG 60  
 ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA 120  
 5 TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTCAAC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG 180  
 AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTCGA 240  
 TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GAAATCATT TAAACGTTTGA 300  
 10 TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC 360  
 GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT 420  
 TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAAGC 480  
 15 GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT 540  
 TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTCACCTT TAACTGATAG 600  
 CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT 660  
 20 ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA 720  
 ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA 780  
 25 TATCTATGGT TTACC 795

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 887 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA 60  
 GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATGr GaAATATTAT 120  
 40 GCAATCaTTG GTGCMCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA 180  
 GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT 240  
 45 ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTTGTCCA 300  
 CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT 360  
 GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTGCGA GCTTGATAAT 420  
 50 GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT 480  
 GGATGGATGG GGTTACCGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG 540

55

GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC 660  
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTTGGATAA 720  
 5 TGATGCTACC GAAGTGTACT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC 780  
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840  
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887  
 10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1183 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

20 TTGGAAnCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TtnAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTAAA 60  
 AChACCAAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120  
 25 AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTTT AACTGAAAAT 180  
 AATAAAGTTG ATCATTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTTT AAAAGATATT 240  
 AAAAATGCAA AAGAtATATC CATTTAGAGT ACWATACTTT CGCTTwAGAT GGTTwAGGTA 300  
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT 360  
 ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420  
 GTGGAGAAGT TGAAGCATT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTTT AGAATGAATA 480  
 35 ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540  
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC 600  
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTAGAC TGAATTCGC 660  
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720  
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCCGC TAGTGACTGG CATCAAATTG 780  
 45 AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840  
 ATTTCAATTCC GGATAATTCA TATATaAATG CCATTAAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900  
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960  
 50 CAAATGCCTC TGACTTATTA TCAAGTGGTG TTAAAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020  
 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG 1080

55

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2332 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC	60
AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTCAACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC	120
CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG	180
AGATAAAGGG ACTTGGATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAAnAATAT	240
GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAAcMACGA AGGGTAATTT	300
TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA	360
TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT	420
AAAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA	480
AGATTATAAA AATGGTGATA TTTCATATAA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA	540
TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC	600
CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAAGGCT CATCCGTAGG	660
ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA	720
TTCCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA	780
AAATCTGGCA ATATAAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT	840
GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA	900
AAGTTACAAG AAAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC	960
CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG ACACTGGCAA AGTTACTTTA	1020
GGTATGACAG GTACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTCCT	1080
TCTTATCAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT	1140
ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC	1200
AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTCGCT GGGCGGTAGA	1260
GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT	1320

ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440  
 GGTGTCCGCA ATCATTTTATA TGAAACTGCT GGAGAAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500  
 5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560  
 AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620  
 ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680  
 10 GGATCACTCT CTTCCTCCCw ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740  
 GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800  
 TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860  
 15 AAAAAATTAAC CTCTGAAGAG GTTATAGATG rATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920  
 AACTTGAAAC AGATCCCCAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980  
 ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040  
 20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAnAA 2100  
 TATTAATGAA CTGAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160  
 TCAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220  
 25 CTTATATCTC AAACATAAAA TGAATTmymS TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280  
 TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 865 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60  
 TTAAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120  
 45 ACTTGTTCCA TTGAATCTCT GTCACGTACT GTAACCTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180  
 TCGAATGTta CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240  
 GATTGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGAACTTA ATTGCTCAA AATCTTAATC 300  
 50 GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360  
 GATGGAAGTG TAAAACGTa CGTGCACTTT TACTACCTTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

GAATATATTT TTCGTTTCGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTCAG 540  
 CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCCAA 600  
 5 ATGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT 660  
 CATGATCAG TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG 720  
 CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTCTGA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA 780  
 10 GTTCCATTG TTCAAATTCT CTTGTTCTGa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTTCaTTAC 840  
 GGaATGaTTT ACCAATTTGG ACCGG 865

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1444 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA 60  
 CTAAATAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAACT ATGTATACTT CGCATCACAT 120  
 TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATTG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA 180  
 30 CGTAACGTTG ATTTCTGCC ATATCACTCA GTGTAATTCG TTTGTTATAT GGTTCATCAA 240  
 GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCTT CATATTGTTG TTCAACTTGA TGTACTGCAT 300  
 CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTACCAAA AAACTCATT CTTATAAATAT 360  
 35 TATTTTCAAC TTCTGGAAAG AACAAGTAAC CAATGCCCCG AATGGTTAAA GTGATTAAAC 420  
 GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT 480  
 TCATATTTCC CTCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA 540  
 40 CTGTGACAAT ATTTATTTTC TAGAAAAATT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG 600  
 AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAAT TGATTATTCG TATGTTTTAT CAAGCAGCTA 660  
 TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAACG ATCTATGTTT AAATGGACAT 720  
 45 CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTTCTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA 780  
 AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAATTAGA TCTTTTATAT AAATTAAAAA AAGAAGTTGA 840  
 50 AAAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AAGTATATTT 900  
 GCAGCAATAT ACATGTTTCG TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAAATCGA CACTGATAAA 960

TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCAGGATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC 1080  
 CAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTCG ACGTTGAATC 1140  
 5 TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC 1200  
 AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG 1260  
 TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACCTA ACTTTAAGTT 1320  
 10 TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG 1380  
 CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT 1440  
 TGGC 1444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6309 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAakCATAC 60  
 CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT 120  
 30 GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT 180  
 TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCA ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT 240  
 GATTTATCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT 300  
 35 GGTGGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA 360  
 GCGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTGCA CAATTCGGTT CAGACCTTGA TGAATTTACT 420  
 GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAAACAAGA TCAAAACAAA 480  
 40 CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTTAGAT 540  
 GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA 600  
 AATGCTACTG AACTGTAAAA TGAAATCAGA GAAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG 660  
 45 TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT 720  
 TTAGTATAAG GTGGTGAGAT AGTGGCTTCT CTTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA 780  
 50 ACCAAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT 840  
 AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCACA CCATATATGG ATAAATGCA AGATGCAATT 900

	ACTAGAAGTG	GATATTTAGT	TATCACGAGT	GATAAAGGTT	TAGCAGGTGC	ATATAGTGCA	1020
	AACGTGCTTA	AAAAATTGAT	TACTGATATT	GAAGCGAAAC	ATCAAGATAG	TAGCGAATAC	1080
5	AGTATTGTAG	TTTTAGGGCA	ACAAGGTGTT	GATTTCTTAA	AAAATAGAGG	TTATGACATT	1140
	GAGTATTCTC	AAGTAGACGT	ACCTGATCAA	CCTTCTTTCA	AATCTGTTCA	AGCACTAGCT	1200
	AACCATGCTA	TAGACTTATA	CAGTGAAGAA	GAAATTGATG	AATTAAATAT	ATACTATAGT	1260
10	CATTATGTCA	GCGTTCCTGA	AAACAAGCCT	ACATCTAGAC	AAGTATTACC	ATTATCTCAA	1320
	GAGGATTCTA	GTAAGGGGCA	TGGTCATTTG	TCTTCTTATG	AATTTGAGCC	AGATAAAGAA	1380
	TCTATCTTAA	GTGTAATCTT	GCCTCAATAT	GTTGAGAGTT	TGATTTACGG	AACAATATTA	1440
15	GACGCAAAAG	CAAGTGAGCA	TGCAACACGT	ATGACTGCGA	TGAAAAATGC	CACTGATAAT	1500
	GCAACTGAAC	TTATTGATGA	CTTATCATT	GAATATAACA	GAGCGAGACA	AGCAGAAATT	1560
20	ACGCAACAAA	TTACTGAAAT	TGTTGGTGGT	TCCGCAGCGC	TTGAATAATA	TTTAAAGGAG	1620
	GAAAATAGCA	TGGGAATTGG	CCGTGTAAC	CAAGTTATGG	GTCCTGTAAT	TGATGTTCTGA	1680
	TTTGAACATA	ACGAAGTTCC	TAAAATTAAT	AACGCCTTGG	TTATTGATGT	GCCTAAAGAA	1740
25	GAAGGTACAA	TACAACTAAC	ATTAGAAGTT	GCGCTGCAAT	TAGGTGACGA	CGTTGTTCGT	1800
	ACAATTGCGA	TGGATTCAAC	TGATGGTGTC	CAAAGAGGCA	TGGATGTAAA	AGATACAGGC	1860
	AAAGAAATTA	GTGTACCTGT	TGGTGACGAA	ACATTAGGTC	GTGTATTTAA	TGTACTAGGT	1920
30	GAAACAATTG	ACCTTAAAGA	AGAAATTAGT	GATTCTGTTC	GCCGCGATCC	TATCCATCGT	1980
	CAAGCACCAG	CATTGATGA	ACTTTCAACA	GAAGTTCAAA	TTTTAGAAAC	AGGTATTAAA	2040
	GTAGTAGATT	TACTAGCACC	TTATATTAAA	GGTGGTAAAA	TCGGATTGTT	CGGTGGTGCC	2100
35	GGTGTAGGTA	AAACAGTATT	AATCCAAGAA	TTAATTAACA	ACATCGCTCA	AGAGCACGGT	2160
	GGTATTTCTG	TATTCGCCCG	TGTAGGTGAA	CGTACTCGTG	AAGGTAACGA	TTTATACTTC	2220
	GAAATGAGTG	ACAGTGGTGT	AATTAAGAAA	ACAGCCATGG	TATTCGGGCA	AATGAATGAG	2280
40	CCACCTGGTG	CACGTATGCG	TGTTGCATTA	TCTGGTTTAA	CAATGGCTGA	ATATTTCCGT	2340
	GACGAACAAG	GTCAAGACGT	ATTATTATTC	ATCGATAACA	TTTTCAGATT	TACACAAGCT	2400
45	GGTTCTGAGG	TATCTGCATT	ATTAGGTCGT	ATGCCTTCTG	CAGTAGGTTA	CCAACCAACA	2460
	CTTGCTACTG	AAATGGGACA	ATTACAAGAA	CGTATTACGT	CTACAACAAA	AGGATCAGTT	2520
	ACTTCTATTC	AAGCGGTATT	CGTACCTGCC	GATGACTATA	CTGACCCAGC	GCCTGCGACA	2580
50	GCGTTTGCCC	ATTAGATGC	AACTACAAAC	TTAGAACGTA	AATTAAGTGA	AATGGGTATT	2640
	TATCCAGCCG	TGGATCCATT	AGCGTCTACA	TCAAGAGCAT	TGGAACCATC	AATTGTAGGT	2700

55

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCAAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACCTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTATGTC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACTGTA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGT AAATTTTCACG ATGGAACTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGAAAA ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTGCGTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaayA CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAATT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTT ATTTTTTGAA ATTATCTACA TTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTTC TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
40	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAAAAATAAT	4320
	TTTAAAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGAAAA TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55

	GACGTTACAT	ACAAAAAGGA	CGAAAATGCT	GTTGTCGTTG	ATGCAACAAA	GACTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC	CATATGAATA	TGTTAGTAAA	ATGCGTGCAA	GTATTTTAGT	TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA	GACTAGGACA	TGCTATTGTT	GCATTGCCTG	GTGGTTGTGC	AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG	AGCAACACAT	TAAAGGTTTT	GAAGCTTTAG	GCGCAGAAAT	TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA	TTTATGCTAA	TGCTAAAGAT	GGATTAAAAG	GTACATCAAT	TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG	TAGGAGCAAC	ACAAAATATT	ATTATGGCAG	CATCATTAGC	TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG	AAAATGCAGC	TAAAGAACCT	GAAATTGTCG	ATTTAGCAAA	CTACATTAAT	4980
15	GAAATGGGTG	GTAGAATTAC	TGGTGCTGGT	ACAGACACAA	TTACAATCAA	TGGTGTAGAA	5040
	TCATTACATG	GTGTAGAACA	TGCTATCATT	CCAGATAGAA	TTGAAGCAGG	CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG	CTATAACGCG	TGGTGATATT	TTTGTACGTG	GTGCAATCAA	AGAACATATG	5160
20	GCGAGTTTAG	TCTATAAACT	AGAAGAAATG	GGCGTTGAAT	TGGACTATCA	AGAAGATGGT	5220
	ATTCGTGTAC	GTGCTGAAGG	GGAATTACAA	CCTGTAGACA	TCAAACTCT	ACCACATCCT	5280
	GGATTCCCGA	CTGATATGCA	ATCACAAATG	ATGGCATTGT	TATTAACGGC	AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA	CCGAACTGT	TTTTGAAAAC	CGTTTTATGC	ATGTTGCAGA	GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA	ATATCAATGT	AGAAGGTCGT	aGTGCTAAAC	TTGAAGGTAA	AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC	AAGTTAAAGC	GACTGATTTA	AGaGCAGCAG	CCGCCTTAAT	TTTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG	ATGGTAAaAC	AAGCGTTACT	GAATTAACGC	ACCTAGATAG	AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG	GTAAATTGAA	GCAATTAGGT	GCAGACATTG	AACGTATTAA	CGATTAATTC	5640
35	AGTAAATTAA	TATAATGGAG	GATTTCAACC	ATGGAAACAA	TTTTTGATTA	TAACCAAATT	5700
	AAACAAATTA	TACCTCACAG	ACAGCCATTT	TTATTAATTG	ATAAAGTAGT	TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC	GTTGTGTGGC	TATTAAACAA	GTATCAGGAA	ACGAACCATT	CTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG	AGTATGcGGT	AATGCCAGGC	GTATTAATTA	CTGAAGCGTT	AcTCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC	TATTTTAAAT	AGTGAAGAAA	ATAAAGGTAA	AATCGCTTTA	TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG	TCGTTTTTAAA	CGTCAAGTAG	TACCTGGTGA	TACTTTAACG	TTGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA	AATTAAAGGA	CCAATAGGTA	AAGGTAATGC	TAAAGCTACT	GTCGATGGTC	6060
	AACTTGCTTG	TAGTTGTGAA	CTTACATTTG	CAATTCAAGA	TGTAAAATAA	AACAAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG	ATTTAATGTG	TTGGCATAAT	CTTTGAATGT	TTTTTATTTT	ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC	TTTAACTTTG	GTTTAGACTG	CaTCATTCTGA	TTAAATGATT	TTTTTAATTC	6240
	TTCACCAGAT	AATCCATCAT	CAATAAGTTG	GTTCTAATAA	ACTTTCAGCA	TACTGTTGGA	6300
55							

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

	AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCGTGTAT TAGGACCAAA	60
15	AGGTTTAATG CCAAAACCCTA AAAGCTGGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA	120
	AGAAATCAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC	180
	AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTCaATA CyTTACAAGA	240
20	TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT	300
	AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT	360
	ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG	420
25	TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA	480
	TAAGTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT	540
	TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA	600
30	AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG	660
	ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT	720
35	TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA	780
	AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG	840
	ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG	900
40	CGAAAGTAAT TTCTGGATTT GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTAAA TCAGGCGTTA	960
	TGGAAGGCAA TGTATTACA GCAGAAGAAG TTAAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG	1020
	ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG	1080
45	CGGTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTTA GCGTAAAAAA	1140
	ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA	1200
	AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG	1260
50	TAcTgCAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GGCGCTGACG CTGCAGCAGA	1320
	AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAAATCA AAGTTGTTAA	1380

TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAAACTTA AAGAACAATT 1500  
 AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA 1560  
 5 AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA 1620  
 TTTTGATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG 1680  
 AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGAATAA TGAGTCA 1717

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1279 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT 60  
 TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA 120  
 25 TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA 180  
 TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTCG GTTTTTCTTA TCGTCAAGAA 240  
 TTACAAAACC TTTAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT 300  
 30 CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATGGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC 360  
 AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCTG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG 420  
 ACAGCTTAAT TAACTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA 480  
 35 TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT 540  
 TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG 600  
 AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG 660  
 40 GTAAaAGTGG TGTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA 720  
 TGAAGAAAGA TTTCATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC 780  
 45 AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT 840  
 CGCTTGCCAT TGTCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTTAGTTAAT GAATTGTTAA 900  
 A1GTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG 960  
 50 CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA 1020  
 TGACTTTTAA TTayTGTAAG AAGCGTGTtT GGAGTTATGA TAwGGATCGC ATGGACCAAG 1080

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200  
 TTGCACCAGA ACATTTACma CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAna 1260  
 5 ACCCCGnGGT AACCAngTA 1279

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60  
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120  
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAACG TTTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180  
 CGATTTGTCT ATAACTTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCTT 240  
 25 AAAAACGTAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300  
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTTA AAATAAATTA rATATTCATG TTGACAATTT 360  
 AAAAATGTGCG CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420  
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480  
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540  
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600  
 35 CTGTCAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTGCGATG 660  
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGACTACCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720  
 40 CATTCACTTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780  
 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840  
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900  
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAA AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960  
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020  
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTTtTyAGAm 1080  
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTTGCTA TCTTAATGGG 1140  
 GTTA 1144

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1158 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

ACAACCAATT TTAATAACA TGGTrTCAT gCATTtTCAA TATTtTAGATG TCGACCGCAT 60  
 AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTTA GCACATACGA ATATTtCTAG 120  
 AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT 180  
 TCATACCACT TTGaACATTC aaCATATTGA AAGTTtAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC 240  
 CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTtCATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA 300  
 AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA 360  
 AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTtTAGTAA TTTCTTTACG TATGCCACC TAAGCGAAtG 420  
 CGTACATTGA CGTTAAGAAC AGTTGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC 480  
 AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTtTATAAT 540  
 GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT 600  
 ATTTATATAG ATGTATTtCGA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT 660  
 CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC 720  
 GTTGcATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAaA AATCAAGATG TAACCaaATT AATTATCGGA 780  
 CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTTT TTCAATACAC CTTTAATTGA CCATTtTAATG 840  
 TCCTTTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTTGAATTG 900  
 AAAATGAACA AATCACCTTA TCGTCCTAAA GGCAACGTT TCGCCATAGA TATGTtAAAA 960  
 ATGATTTTGA TTCAATAAT TTGTGTAATG ATGGGACTGT GGATTtATCA ACTTGATAAG 1020  
 CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATTTT ATTATCCATT 1080  
 TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTTTTtAG CAGCAATTAt TAACGTATTT GTgTkTAATT 1140  
 ATkTTTTtAC GGAACCTA 1158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2224 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGAATAGTT	120
	ATTTTATTTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAAT TTTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
20	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTTGA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACCGTGGAAC	720
25	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
	GTACTTAAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTAGCTGA GATTTTGTAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTTAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACACG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAAG AACAAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTCGGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
45	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAWGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTTAGGTCG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680

55

	AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA	1800
	TTTTGTAATT AAAATAAAAA TTTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA	1860
5	GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC	1920
	TAACATAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTAAAC TATATGCCTG AAAGAGAACG TACATCTCCT	1980
	CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAnAAA	2040
10	GCTAAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATn AAAAAGAACT TGTTCCTAGCT	2100
	ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGAAGGTAT CTTAGATGAT	2160
	ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTTTAAGA ACAGTGAACCT ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT	2220
15	ATTT	2224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 20 (A) LENGTH: 1690 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

	ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT	60
30	CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTTGT	120
	ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC	180
	TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTCATTATT TTACACCTCG CTTGATTAGT	240
35	TTTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA	300
	GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA	360
	TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA	420
40	TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAATATTA	480
	GGAATAATAA TGTTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATT	540
	AACATATTAT TATTCATyTC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG	600
45	CAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAaKCTA AACCAAGACC AGTAAATGG	660
	CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC	720
	AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA	780
50	GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT	840

	AATGTAAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA	960
	AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT	1020
5	TTCATATGAT TCACCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAAT GATTAAAATG AATGCCATAA	1080
	ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAATT	1140
	GTTCTCTAT TGCCGTACCT ATATTTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA	1200
10	TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG	1260
	TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACTTGAGG	1320
	CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG	1380
15	GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAATAAAC AAATTGAATG	1440
	ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCACGCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT	1500
20	AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCAATTAATA	1560
	GATATTTTGA AATTTTCAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT	1620
	AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT	1680
25	AGTAAAAATT	1690

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30	(A) LENGTH: 2112 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

	ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG	60
	TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT	120
40	CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG	180
	TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA	240
45	ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT	300
	TGTTCATATT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA	360
	TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTTCT	420
50	TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT	480
	AGTGTAcCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA	540

55

	TATTATTATG TTCAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG	660
	TTGCTTAaCT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTTGA CATAGAGCCT TTTTITAGTTC	720
5	TTGATGTTTC TCTTTAAAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA	780
	AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG	840
	GGATTTTTAT TGGTGCGGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TCGTCTACT TAGCCAATAA	900
10	GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC	960
	ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGSc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC	1020
	TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCACCTTGCT TCTGATAAGT TATATGATTC	1080
15	TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT	1140
	TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG	1200
20	TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC	1260
	GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAATGTA GGAAAATGGA	1320
	TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA	1380
25	AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA	1440
	AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA	1500
	TTCAGTATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT	1560
30	AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA	1620
	TATTTTTAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTAAAAATC ATTTAAATGA	1680
	CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAAATC TAGTTTCTGT	1740
35	TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAAACT AATGAAAAAC GAATTAAAAA	1800
	TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTCATTATC TTATAATTCA	1860
	GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT	1920
40	AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA	1980
	AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT	2040
45	GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA	2100
	GCTGCTTTAG GT	2112

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 454 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCTCATA TAGTGTAGAG 60  
 TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120  
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180  
 10 GAACACTTAT TTGTATTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTTGAAAAA 240  
 AATATTTTTC CTTGTGATAG ATCCGGATTT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300  
 CTCATTTCTT TTTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT 360  
 15 CGTTAAATGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420  
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT 454

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1372 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

30 TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60  
 TTTTGACTTT TATTTATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTCTTTTTTT TACAGTTATT 120  
 TTCGGTTTGT TTAATAAATG ATAACCGATG TTCTTTTTGG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180  
 35 ACTGAATTGT TTCTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTGTTGT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240  
 TACCCATTCT CTTTGGCATT TTCAATCGTT GTAACGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300  
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA 360  
 40 GTTAAAGTTT TGTCCTGATT TTCAAATCC ATTCCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420  
 TTTGTTCCGC CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480  
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540  
 45 TGATAGTGTG TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600  
 TTTAAATTCT CTCCGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660  
 CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720  
 50 TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTTAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCAIT 780

55

ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTG AATCATCCAT GGCATCACTT 900  
 AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTCACGA 960  
 5 CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTCACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT 1020  
 CCGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT 1080  
 TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA 1140  
 10 GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAAATCC ATTACGTTCT 1200  
 TTACCAGTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT 1260  
 TTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT 1320  
 15 ACTAnATTTC CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT 1372

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 564 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTTGTTC GTCTTATATA 60  
 30 AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTMTCC TATGTCATTT AACTAAACAT 120  
 GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTTCTTT 180  
 TGACTTAGTT TAAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG 240  
 35 CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAACTGTT GCAATTTTTC AGTATTATTT AGTAATTGGT 300  
 CGACCTTTTC AACCATTTGA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT 360  
 CTTGaATCAG TTCTGaTGA CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG 420  
 40 AAAGCGACTC TAAAATTGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTGAT AACATCAGTT 480  
 CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA 540  
 GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG 564

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

5 TATCCACCCC ACGAaAGCCC CGGAAACTTA TTGTGTTACA AGATATATAA GCAGAAACGA 60  
 ACAACAGTTA ACAAATAAA TGAAATTAAG CGTTTTAAAA ATGAAACAAA TGAAATCATC 120  
 TATTAGGTTA TGAAACTGTT TATAGCTTGA ATAGAAGCAT TTATTTTTTA GGAGGACAAT 180  
 TATTATGCGT CAAACATTTA TGGCAAATGA ATCAAACATT GAGCGCAAAT GGTATGTTAT 240  
 10 CGATGCTGAA GGCCAAACAT TAGGTCGTTT ATCATCAGAA GTAGCATCTA TCTTACGCGG 300  
 TAAAAATAAA GTAACCTTACA CACCACACGT TGATACTGGT GATTATGTAA TCGTTATTAA 360  
 TGCATCAAAA ATCGAATTTA CTGGTAACAA AGAAACTGAC AAAGTTTACT ACCGTCACCTC 420  
 15 AAATCACCCA GGTGGTATCA AATCAATCAC TGCTGGTGAA TTAAGAAGAA CTAACCCAGA 480  
 ACGTTTAATT GAAAACTCAA TTAAAGGTAT GTTACCAAGC ACTCGTTTAG GCGAAAAACA 540  
 AGGTAAAAAA TTATTTGTAT ATGGTGGCGC TGAACATCCA CACGCTGCAC AACAACCAGA 600  
 20 AAACACGAA TTACGTGGTT AATTAGAAGG AGGAAATGAC TTTGGCACAA GTTGAATATA 660  
 GAGGCACAGG CCGTCGTAAA AACTCwGtAG CACGTGTACG TTTaGTACCa GGTGAAGGTA 720  
 ACATCACAGT TAATAACCGT GACGTACGCG AATACTTACC ATTCGAATCA TTAATTTTAG 780  
 25 ACTTAAACCA ACCATTTGAT GTAACGTAAa CTAAAGGTAA CTATGATGTT TTAGTTAACG 840  
 TTCATGGTGG TGnTTCACCTG GACAAGCTCA AGCTATCCGT CACGGAATCG CTCGTGCATT 900  
 30 ATTAGAAGCA GATCCTGAAT ACAGAGGTTT TTTAAACGC GCTGGATTAC TTAACCTGTA 960  
 CCCACGTATG AAAGAACATA AAAAACCAGG TCTTAAAGCA GCTCGTCGTT CACCTCAATT 1020  
 CTCAAAACGT TAATTGTCCG ACGATATATA CAAACACCT CGATATTATG TCGAGGTGTT 1080  
 35 TTTTGGCGT TTTTGGCGG AATATGGAAT GTGTAGAATA TAAATGAATT TTTACCTTCC 1140  
 CACCATAAAA GATGAAGAAC CATGAATGTG GAGAACAATA AATAGTTGGA TATTCTGTTA 1200  
 TTTTTTTGGA AGTGAAGTG GATTGGAAT ACTTTACTCn AAACGATTAA AAGGTTTAAA 1260  
 40 AAAACAACAA AnAGAAA 1277

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 673 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

TTATTGACAT TGT TTTTATC CAAAATTCAT TGT TAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA 120  
 TnATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA 180  
 5 AATCAAACAT TTTTAATATT TGT TATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT 240  
 GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAAATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG 300  
 ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC 360  
 10 TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AACTTGGTC CGACTTAAAT 420  
 ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTTAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA 480  
 TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTCAATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT 540  
 15 GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAAACGTGTT 600  
 aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG kAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCG 660  
 GTTTACCAGT ATC 673  
 20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1240 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

AAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA 60  
 TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTTAGT CATGTCTGAAG GTGAAAACGA 120  
 35 CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT 180  
 TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTTAA 240  
 TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT 300  
 40 GCTTTTTTGAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAAATGGTG GTGAAGGCGA 360  
 TACAAGGTTA GAAATGTTTA AAAAGGGATT AGAACATTTT GGTTTAGAAT ATAAAATAAC 420  
 GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC 480  
 45 GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT 540  
 GATTTGCGCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTGAG GAGAAaGAAAC ATTGGAACAC 600  
 GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA 660  
 50 GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGACTGAC CAAGAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG 720

55

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAATCTAC CAACTAGGT 840  
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900  
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT 960  
 AATACTGCAG CTAACATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020  
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTGATG 1080  
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAC TGTGACTACA 1140  
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATA GATaAATCmA ACATTAAaGA TGTAAAAmCG 1200  
 aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240  
 15

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTAA ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60  
 ATGATCAAaC AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAAACCTC GTAAAAGATG 120  
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180  
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240  
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300  
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360  
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCACT 420  
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTTGTAGAT GACGAGGATT 480  
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540  
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTC ACTGAAAAAG 600  
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTC 660  
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTAAAG GAATACTTAA 720  
 CAAGTAATTC AAACCTCAAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT 780  
 50 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA 840  
 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAATCAT 1020  
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080  
5 GTTGTACAA AAAATTTACA TGTATTTTTA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTTAAATTA 1140  
TAAATGAaAC ATGCATGAAT TTATTTTSTA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200  
ACAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260  
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1761 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTCGGC 60  
25 TAATTTATTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTTCAG TACTATAAAA 120  
ATCAAACCAT TTGCCGTAT CTTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCACTTT GAGAGCGCTT 180  
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240  
30 TTCACGACTA TGCGCTTGGA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300  
AACTTTTGTT TTAATGATTT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360  
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420  
35 CATGCTATTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAAATACGC 480  
AGCATCAGCT TTAAAGTAAT GGCCTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540  
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGCAGCTT GGTACAATTT 600  
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAACACTTTC CAACATGAAA 660  
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCTACGT 720  
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780  
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTTCAACAT 840  
TTTCAATTAT TGTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900  
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAAATCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960  
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140  
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGrTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200  
 5 TCACGTTGrG CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTTA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260  
 TTTGATyCAG TTGGTGTTC AGTAACTTGT GAATTTGTTT ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320  
 TGAGTTTGAG CATTITGTGG TGCTTCAACT TCTTGTGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380  
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTGCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440  
 CCTGTTGCAT GGTAAATCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500  
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTG ATTTAATGTT 1560  
 15 TGATCATTTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620  
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680  
 20 GCGAGTAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCCTACA AGTGAATTTG TGTCTCTAAA 1740  
 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 794 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTGGG AnAGAnCCaa GaAAmaCAAT TGAgCGTGAA GAAAAAGCAA 60  
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120  
 ATTTTACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180  
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCTGA 240  
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300  
 ACAGTGTTGA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360  
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420  
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAA AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480  
 AAGTGACACA AATTAAAATT GGTCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540  
 50 GGGTTAAAGT GAGTAAAATT GTAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600  
 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780  
 ATGAAATGCC ACAC 794

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1161 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60  
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTTTTCAGCA GTTATCATTC CTAATTGTCC TTTCTTTTTA 120  
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTTGT AACGTTTTGA 180  
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCA 240  
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300  
 TTTCTCCACC TATTTTTTACA TTGTTTTTTA CATTTTCCAA TATTTCAAGC TGTAATTCAA 360  
 CTAGTGACTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATT 420  
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480  
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTnTTTT ATATTAAAAAT 540  
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATT 600  
 AACTTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660  
 CATGTCGGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720  
 CGAATCCATC TTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780  
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840  
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900  
 ACTGTAAAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960  
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATTC TTTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAAT 1020  
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080  
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAACTT 1140  
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

(A) LENGTH: 1504 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTAAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGmAAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCCTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACATTT AAATCCCATG AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTTCGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAACT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGGTTT	540
25	TTTCGCAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTTGGA GTTTTTGCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCTTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTAA AACAGATTTT ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTTAGTCC	1140
45	AAGGGAATC GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
	ACCAGTTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGaC	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTTCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAATTAGA	1440
55	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1623 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT 60  
 ATAAAAGATA CATAGAyTGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTAAaATA 120  
 aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA 180  
 CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT 240  
 ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT 300  
 TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGAATGACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT 360  
 TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTTCTA ATACATTGGC 420  
 CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTGTAGAA CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC 480  
 AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA 540  
 TGGCTCAATC AAGTATCAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC 600  
 AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT 660  
 TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC 720  
 ATAAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC 780  
 CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG 840  
 AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAAAAATC 900  
 CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT 960  
 GCCTTTTAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTTGAT AAAACAATAC 1020  
 TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAAATAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT 1080  
 CATTCCTTGT TTTAATGAAG GGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT 1140  
 ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG 1200  
 TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG 1260  
 CTTTATTTCT TTTAGTAGAA ATTTTGAAAA AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA 1320  
 TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA 1380

TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGCAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500  
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTAAGCCA 1560  
 5 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGnTTTTCAA AAnGGnTATT 1620  
 TGA 1623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

20 AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTAAAAAAT 60  
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120  
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180  
 25 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240  
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTTrrTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300  
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360  
 30 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420  
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTCGTTT TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGa 480  
 35 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTTG CGTGTTACAT 540  
 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTTcAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600  
 CATT 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1739 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

50 TAGGTTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60  
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAACtAAAT ATATATCGTG 120

TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT 240  
 CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC 300  
 5 AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGGAAG TGACACTACA TTAATCTTAA 360  
 CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA 420  
 AATGAATAAT AAAAAATTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAC 480  
 10 TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA 540  
 AAACCTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA 600  
 AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA 660  
 15 AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC 720  
 TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA 780  
 20 AATAGCGAAA TTGGAGCITT AAAAAGTGTG TTAAGTTAAGC GTCCTGGAAA AGAATTAGAA 840  
 AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA 900  
 GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT 960  
 25 TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT 1020  
 GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAGGCA 1080  
 TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG 1140  
 30 GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC 1200  
 TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC 1260  
 GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA 1320  
 35 TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA 1380  
 GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT 1440  
 40 ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTT 1500  
 GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCCAAC TAGTCGAACT 1560  
 TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA 1620  
 45 GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CaATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT 1680  
 AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnT TAAAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG 1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1745 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACTTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
15	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTTAAGAAC ACAGACATGA ATTCATCAA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTCCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCtAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATT TCTTTCAATA AATTAAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAAaGAAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTCGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
35	CCGCTTCCTG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTTGTTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAAATTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCCT ACAACTGGCA ATCATTTCCA AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTTCGT GTTTCTCTTT TTCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740  
GAACG 1745

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1035 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTACCATT TTTTGCATCT 60  
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120  
ATTACGGCAC CAATTAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180  
TTCAAATTTG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240  
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCGTGTAG TATGGATCTG GTACATCACT CTCTTCATA 300  
TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360  
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420  
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480  
TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCACTACCTC TTGAATGTAC TTTAATATCA 540  
TGAATATTTT TGTCTTTAAG TCTTTGTCGC ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600  
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660  
ATATCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720  
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACTATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780  
TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840  
ATTATTAGAT CTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900  
TTTTGkTCaA yCAAGAGaAA GATTGTCGCC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960  
AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTGACTA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020  
CAATACGCTG AACTA 1035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5 AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACaNA 60  
 CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTAA CCATATTACA AATTGTGTTG 120  
 10 TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT 180  
 CAAGATTAGC AAtCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA 240  
 CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCAACCTAG AACTTTTTCA GTTAATCTAC 300  
 15 TTA CTGGACG TTTAATTGA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT 360  
 ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTTATG ATTTTATTTT 420  
 AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCa TTGTATTAC TTA AAACTTC AGGTCCTAAA 480  
 20 TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT 540  
 TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT 600  
 TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAATTT ATATGCACCC 660  
 25 TCTTTATTTT GTGCCGTTTT TGGAATTACC ATATTGTCGA ACCATAAATT CGATCCTTCT 720  
 TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCCT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC 780  
 CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTTc ATCACCTACG 840  
 30 ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC 900  
 GAATTACGGT CATTAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA 960  
 35 GCACCGTCAA CTAGTAAAT TTGGTTTTTA AATTAGGAT TATACAAATGA CTTCCAACCTA 1020  
 TCAAATGATT CATTGGATA CTTTCTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA 1080  
 TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA 1140  
 40 TTTTAAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT 1200  
 TTTTGAAC TG nATATTCAT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT 1260  
 TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA 1284

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5763 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATAATTAACA	TCTTTTGCTA	TATACCACCA	GTTTGATACA	TAAAATATCG	CAGCAATAAT	60
	ATCATGTTTA	ACCCTAATGA	TATTATCTGA	TTTTAATAAT	AAGGTTGCTG	TCCCTACAAC	120
5	CATTAATAAA	ACTATGACTG	CTGGTAATAA	ACGTTTTAAA	CGACGTATCC	AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG	ATACCTGTGT	CATCATACTC	TTTGAGTAAT	AAGCTTGTA	TTAAATAACC	240
	AGAGATCACA	AAAAATGTAT	CCACACCTAA	AAAGCCACCT	GtCAACCATT	GCTTATTTAA	300
10	GTGGTAAATA	ATAATTCCTA	GAACAGCGaT	TGCCCTCAAA	CCATCGAGCC	CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC	TTATACTTTG	TAAAACCCTT	TGTTTTGTTC	ATTTTTGCAT	TCTTCCCTTT	420
	TAAAACGTGT	CTTCTTAGAT	GCTTAATTAA	ATTTAGTTAT	GCTGTTTAAA	AGAATATTGA	480
15	AATGCATATG	TATATTATTG	AATTACGACA	TCATCAAAAT	CATATTGACT	AAAATACTGT	540
	TAAATTAAAA	AAATTACCAA	TGATGATTCT	TACTTCGAAA	TCCAATTTGT	AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA	AAACTATGAA	GTATTATGTA	TTGTAATATA	ACTGTAATAT	AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA	ATTTTCAAGA	AAATATTCAA	CTAGAAAATG	AATTGTGCAC	TCTTGGAAGT	720
	GCAAGTCACT	GTCTTAATTC	ATATTTTTTG	AAACAAGTTA	GATATAAATT	TTCAAATAA	780
25	AATCAGAAAC	TAGAACATAA	ATAAGGCTCC	CTTCAAAATT	TTCATTTTTTC	AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG	CTTATTCACA	ATGAATTATA	CTCTACAATG	TTATATTGAC	TGCGGGCCCA	900
	AACACAGAGA	ATTTCGAAAA	GAAATTCTAC	AGGCAATGCA	AGTTTATGTT	AGCTCACACC	960
30	AAGTGCAATC	TTAGCGTAAC	GTGACATCAT	ATCTTTTGTC	CAAGGTGGAC	TCCATACGAT	1020
	ATTCACTTCA	GTATCCTGAA	TTTCAGGAAT	CTCTGCTAAT	ACTGTTTTAA	CTTGaTCAAT	1080
	AATTTGAGGT	CCCATTGGAC	ATCCCATTGA	TGTTAAAGTC	ATATCAACTG	TACATACGCC	1140
35	TTCATCATCA	ACATTCACCT	TGTATACTAA	ACCCAAATTA	ACGATATCAA	TTCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT	ACCATTTCTA	ATGCACCTAA	GATACTATCT	TTCAATGCCT	CTTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT	TTAATGTCAT	ATTATTCATA	ATATATCAAA	TATCCGACAA	AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG	ATGTATCTAT	ATGAACTAAG	CAACTTATGA	GGAGAGAGAT	ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG	TCTAGACTTA	GACGGAACAT	TATTAAACGA	TAACAAAGAA	ATTCATCAT	1440
45	ATACTAAACA	AGTATTAAAT	GAATTACAAC	AACGTGGaCA	CCAAATTATG	ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA	TCGTGCAAGT	CAAATGTATT	ATCATGAATT	AAATTTAACG	ACACCAATTG	1560
	TTAATTTTAA	TGGCGCTTAC	GTACATCACC	CTAAAGATAA	AACTTCAAAA	ACTTGCCATG	1620
50	AAATTTTAGA	TTTAGGCATC	GCACAAAACA	TTATTCAAGG	ATTACAACAA	TATCAAGTAT	1680
	CGAATATTAT	AGCAGAAGTG	AAAGATTATG	TTTTCATTA	CAATCATGAT	CCAAGATTAT	1740

55

	AAGAATCCCC TACCTCAATT TTAATTGAAG CCGAAGAAAG TAAAATACCT GAAATCAAAA	1860
5	ATATGCTTAC TCATTTTAT GCCGATCATA TTGAGCATCG ACGCTGGGGC GCACCATTC	1920
	CTGTCAATTGA AATTGTAAAA CTTGGTATTA ATAAAGCAAG AGGCATTGAG CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTAA TATTGACCGA AATAATATTA TTGCATTCCG TGATGAAGAT AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA GTACGCGCGT CACGGTGTG CTATGGAAAA TGGTTTGCAA GAACTTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA CAATATTACA TTCAACAATA ATGAAGATGG CATTGGTCGA TATTGAATG	2160
	ATTTCTTTAA TTTAAATATT AGATATTACT GTTAATTTAT AACTAATCAT TTTATAATAT	2220
15	TTTAAACAA TAGGAGGTAA GTTACGATGC CCAAATAGT CGTAGTCGGA GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC ATGTGCCAGC CAAATTCGAC GTTTAGATAA AGAAAGTGAC ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAGA TCGTGATATG AGCTTTGCTA ATTGTGCATT GCCTTATGTC ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA TAGAAGATAT GCTTTAGCGT ATACACCTGA AAAATTTTAT GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT AAAAATTAT CATGAAGTTA TTGCAATCAA TGATGAAAGA CAACTGTAT	2520
	CTGTATTAAA TAGAAAGACA AACGAACAAT TTGAAGAATC TTACGATAAA CTCATTTTAA	2580
25	GCCCTGGTGC AAGTGCAAAT AGCCTTGGCT TTGAAAGTGA TATTACATTT ACACTTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA CACTGATGCT ATCGATCAAT TCATCAAAGC AAATCAAGTT GATAAAGTAT	2700
30	TGGTTGTAGG TGCAGGTTAT GTTTCATTAG AAGTTCTTGA AAATCTTTAT GAACGTGGTT	2760
	TACACCCTAC TTTAATTCAT CGATCTGATA AGATAAATAA ATTAATGGAT GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT ACTTGATGAA TTAGATAAGC GGGAGATTCC ATACCGTTTA AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT CAATGGAAAT GAAATTACAT TTAAATCAGG AAAAGTTGAA CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA AGGTGTCGGT ACTCACCCCA ATTCAAATTT TATCGAAAGT TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG AAAAGGTTTC ATACCGGTAA ACGATAAATT TGAAACAAAT GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT AGGCGATATT GCAACATCAC ATTATCGACA TGTCGATCTA CCGGCTAGTG	3120
	TTCCTTTAGC TTGGGGCGCT CACCGTGCAG CAAGTATTGT TGCCGAACAA ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT TGAATTCAA GGCTTCTTAG GCAACAATAT TGTGAAGTTC TTTGATTATA	3240
45	CATTGCGAG TGTCGGCGTT AAACCAAACG AACTAAAGCA ATTTGACTAT AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA AGGTGCACAC GCGAATTATT ACCCAGGAAA TTCCCCTTCA CACTTAAGAG	3360
50	TATATTATGA CACTTCAAAC CGTCAGATTT TAAGAGCAGC TGCAGTAGGA AAAGAAGGTG	3420
	CAGATAAACG TATTGATGTA CTATCGATGG CAATGATGAA CCAGCTAACT GTAGATGAGT	3480
	TAACTGAGTT TGAAGTGGCT TATGCACCAC CATATAGCCA CCCTAAAGAT TTAATCAATA	3540

55

	GTTAGAATTA	TGTTGGACTG	GTACTACTAT	CCAGTCCATT	TTTTATGTTT	AACATTTTTTA	3660
	GAATCAAAAA	AGACATAAGG	TCTTGGACTA	ATAATTGTCC	ATGCCTTATG	TCATATACTA	3720
5	TATGTCTTAT	CAATTAGCCA	ATACCGAATA	ATTTTGATAT	AGGSCCTAAC	GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC	CATTGTGATG	ATAATTAATG	CAATTGTTAT	CCAAAACATT	GTGTGACTTT	3840
10	GTTTCATGCT	CTTTCTTTTA	GCAATCGACA	CTTCCATCAA	TCCAACACT	GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT	CAATGTAAGC	AACATATGAT	TTGCCCCGCC	ATTCATAAAT	GACTGAATTA	3960
	ATATCCAAAA	TCCTGAAATT	AACGTCAACA	GCATAAATAA	GCGTAAAATC	ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGAAAAA	TGGTGATCTG	CCTTGATTTT	TTGAAATGTT	TAAGTATGTA	GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC	TAATACCCAA	CTTAATATAT	GTAAATGTAA	CATACTGATT	CCCCCCTTT	4140
	TAATTATTTA	TATTATTAAA	TTAAAGCTTC	TTGGGATTAA	TACCCACTTG	CTTGTAATTT	4200
20	AATCATGATT	TGATTATACA	CGAATATATA	TTCTACCACA	CTTCTATATT	TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT	TTTATTCCTT	ATTAGAATAT	TGTGAATCTG	CTGTAAAATA	ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC	AATATTTTAC	TTTCATCTCA	AAATGGTAAC	ATTATAAATA	ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT	TAGAAAAGCA	AGAAAAAACT	AACCAATCTA	TATAAAGACT	GGTTAGCTTT	4440
	TTAAATGATA	ATTATTTAGC	GATATAAGTT	GTCAGCGTTC	CAATATTATC	AATAGTCACT	4500
	TTAACTTCAT	CACCTGGTTG	TAAAAATTTA	GGTGGTTGCA	TACCTGCACC	AACGCCCTGCT	4560
30	GGTGTACCAG	TTGCAATAAT	ATCTCCCGGA	TGTAGTGCAA	CATATTTTGA	AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT	CAATTTTAAG	AATCATTTTCG	CCAGTGTTAC	CATCTTGTCT	AATTTCAATG	4680
35	TTAACTTTTG	TAACAATATT	TACATTTTCA	GGTAATGGTA	GTTCGTCTTT	AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA	TTGGGCAACC	GCCAGTTAAA	CTTTTGTATA	AAAATGCTTG	ATCTTGTTC	4800
	CTTTGTGCTT	TGCGATCAGT	GATATCGTTA	ATAATTGTAT	AGCCGTAAAC	ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT	TTGGAATCTT	TTCACCAGAC	TTACCAATAA	CAATACCTAA	TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT	GATCAGTAAT	ATCTTTATGA	TTTGGAAATG	TTGCATTATC	TCCTGTTAAA	4980
	GATGACGCTG	CTTTTGTAAA	TACATATAAT	TTTTCCACTT	CATGATTTAA	TTCGTTGCA	5040
45	TGATCTTTGT	AATTTCTACC	AAAAGCAATC	ACATTATTCG	GAGGTGTTAC	TGGTGGTAAA	5100
	AATTCATGT	CATTAAATGA	AATTTTATAG	TCTTCAGCTT	TGCCGCTATC	TTCTGCTGCT	5160
	ACAACTGCTT	TACGTACTTG	TTCTTGAAAA	TCTAAAGTAT	GATTTTGTG	TAAACCAGCT	5220
50	AACAATGTTT	TAGGATGGAA	ATCTCCTTCT	GCAAAGTCAG	CAAATACTTG	TGTTAAATCC	5280
	CATACAGCAT	CTTCGCGTTT	TACTTTAACG	CCATATGAAG	TTTTGTCATT	ATACTTGAAT	5340

55

TTCGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTC 5460  
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520  
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAGA 5580  
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTTAATTGT 5640  
 10 GTACCAATTT CTTCATCTGT CATCCACGCG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700  
 ACAAATAAT GCACACCATC TTTAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760  
 ACG 5763

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 422 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTC TTCTTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60  
 CTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGTATTTT 120  
 TAGTTGTTAA CACTAAAATT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180  
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240  
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTTAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300  
 35 CGTTTAACAA TATAAAATCA GCaATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360  
 TTGTATTAAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GTkTATTAAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420  
 AT 422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1188 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60  
 ATTTGATGAT GACGATCAAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240  
 TTTACTAACA CCATTATTTC CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300  
 5 AAATATTTGG TTAAATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360  
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420  
 GCATCAATAT AACAAATCCA TTTTTTACTA TTACATGGTA GATAAACAAT CTCGCATGAT 480  
 10 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540  
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATTGTT TATTTTTTAA ATATGCGGAA 600  
 15 TGTTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660  
 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720  
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTT GAGTCCTACC 780  
 20 TGTGGAGCCA TTGGAAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCCTGCT AAGGtGTAGG 840  
 TCGCGAAAgG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900  
 CCATTTTAnC TTTTTTGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960  
 25 TCAATTTTAA AATTCTAAAA ACCTTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTTTATAC 1020  
 TTGTTGAACT TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080  
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGGaT CTCTTAACTT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140  
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTTkTTA AATAATTC 1188

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 840 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTTC AGGTGGAAGC 60  
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120  
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180  
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTACACACC TGTTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240  
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300  
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

55

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGgA GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480  
 TGTTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540  
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600  
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTGGACT CAATCCCTTG 660  
 10 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720  
 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780  
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1373 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTC CTTGGTAAAA ATCGTTTTAA CGCCATGATA 60  
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120  
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180  
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240  
 GATTAAGTAA CGTTCTTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTTCG AAATACTTCG 300  
 TACATCATT AACTTGCTGC AACCGAAGCA TTCAAAGTGT TTACATGTCC AACCATTGGA 360  
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420  
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTC TATAATCTGT TGCATTATTA 480  
 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540  
 TTTGTCACTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600  
 TGCGTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660  
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720  
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTT TTTTGCTGT TTTAAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780  
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840  
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTCATTA 900  
 ATTTGTTGCT TTTTAATACC TTCTTGAATC AATATCTTAT TTAyCGGATG CCCAGTAATA 960

TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTTC 1080  
 TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACCTT TTACGATATG TTTGAACATC 1140  
 5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTC 1200  
 TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260  
 AGATACATAT TTTTtagaca TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTACTTTTAA GCTTTAAAAC 1320  
 10 GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TGCCTCnCCC ATATATGCTA AGG 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60  
 25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAaaAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120  
 AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAaCAAT CGACGAaGTT 180  
 AACACAAAAG CATTCTGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240  
 30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300  
 CTTGCTTGTG CAATGAGTGG ATACCAATTA GGCCTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360  
 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420  
 35 AAAGrATTAG rAGAACGTTT ATAAAATACA TTACTTCAAA GATTAGTGAA GTTTGAAAAG 480  
 ATAGAACTAG ACGTTAACTA TTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540  
 40 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTGTGACA 600  
 AGATGTTAAG AGAAAATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660  
 ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2700 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	AATCTAATTT TTCCTCCTAA TCTCGGATTG GATAGTGGTC AATTTTTCTG GCCCGCCATT	60
5	TTAGCGTTTG TTCTAACTGG GATTGGTTTA CCATTATTAG GTGTGATTGT AGGTGCACTT	120
	GATAAAGAAG GATATATTGG CGCATTAAAT AAAATTTTAC CTAAATTTTC AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA TTTATTGAC TATAGGACCA CTTTTTGCAA TACCTAGAAC TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA TGACAATTAC ACCAATTATA CATAGCAATA GTAGTATCGC TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA TCTACTTCAT AGTCGTTTTG TATATTGTGTT TAAATCCATC TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG GTTCATTATT AACACCATTA TTATTGATTA CTATTTTAGC GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT TAGACTTTAG CGGTAATAGT GCTGGAAAGG GCAATGAAGC ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT CAAGTTTTGC TGAAGGCTTT ACACAAGGCT ATTTAACAAT GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG CTTTTTCAAT GATTGTTGTT AATGCAGTAA AACTAACAGG CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA TATTCAAACA AACTTTGACT GCTGGTTTAA TTGCAGCCGT AGCTTTAATT	660
	TTCATATATA TTTTATTAGG TTATATTGGT AATCATATGC CAGTAAGTGA CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA AATCCAAAGA TCGAAACATT GGGACATATT TATTAACGAC AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG GTTCATTTCGG AAAATATTTA TTGGGCATCA TTGTGGCGCT GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT GCGGGCTTAT TGTTGCAGTT TCTGAATATT TCCATAGAAT CGTACCTAAA	900
30	GTATCATACA AAGCATTGTG ATTAGTTTTT ATTTTAATGA GTTTTATTAT TGCTAACCAA	960
	GGTTTAAATG CTGTTATCTC AATGTCAATT CCGGTATTAA GCATTGTATA CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG TATTATTAAT TTTAATTGCC AAATTCATAC CGACAAAACG CATTTTCAAA	1080
35	CAAATTCCAG TTATTATCGT ATTTATATTG TCGATTTTCA GTGTTATTAG TAAGTTAGGT	1140
	TGGcTGAAAA TTAACTTTAT AGAATCATTG CCTCTAAGAG CGTATTCTTT AGAGTGGkTC	1200
	CCAGTAGCAA TTATTGCAAC GATATTAGGC TATCTAGTCG GCATATTGTG AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT ATCAACAGGA ATAACGAATA ATATAAAAGA GGTTGGGACA TAAATCCCTA	1320
	AAAAAACAGC AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC GTATTGAATG GCTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG CTCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAACGT GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC TTTAAAAAAA TAAGACACTT TGCCCAACTT GCACATAAAT GTAAAATTCA	1560
50	ATAAAAATAA TTTTCTGTGT TGGATCCCTT CGTATAATTT AATAAATACT ACTAAACTAA	1620
	ATTAACGAGG TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGACC CAACTTACAC TACCAATAGA	1680
55	AACTTCTGTT AGAATTCCTC AAAATGATAA TACGCGATAT GTTAATGAAA TTGTTGAAAC	1740

AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG 1860  
 TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA 1920  
 5 TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GyCCAAATTA ATCAAAAGCT 1980  
 TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAAGAAAA ATTGATGTAG AGCCTGTTTT 2040  
 10 TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT 2100  
 TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG 2160  
 AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTC TATCAAATAA TTAATAGAAA 2220  
 15 TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA 2280  
 TTGTAAACCT TGTCTTTCCT GGTATTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA 2340  
 CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTTAAC TCAACTACAT CTAAACCAGT 2400  
 20 AATATATTTA ACTTGTTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA 2460  
 TTCACCATAT TCTAAGATTA CTTTTAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTCAC CAACTTCAAC 2520  
 AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA 2580  
 25 GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC 2640  
 AACAACTTCA TCAGAGAATG TTAATTTGnT TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TThGTTChTG 2700

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:

40 ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAaA ATaATAATcG AGTTaGAGTA 60  
 GCCTAAGCGA yCACCCtAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA 120  
 GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAaATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAA AATCATCACG 180  
 45 GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAA ATATTTGCAT AGCTAATTGT 240  
 GATAAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAAA CATATGCTAA ACCAACGATA 300  
 CCAACTAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTTAC AGCATTTTTA 360  
 50 GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTTACCGCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT 420  
 GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATAsC AAGAATAATG TTACTCCAGG AACCGCAGTT 480

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600  
 GATTCAGTTA AACCACGTAA ATTTAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAA ACATGCAATC 660  
 5 AGTfCKTTAT GCCCATATAA ACTTGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720  
 ATmCTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780  
 10 CATTTTTCTC CTAAATTGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840  
 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900  
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAT CAGTATTTGT 960  
 15 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCCTTTAAAC 1020  
 TTCGATATCT TTTCTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAGtCTT 1080  
 TTAAATTGAT kGacATAAtC TCCTATTCCT TTTTATAGTT TThGATGGAA ATCAC 1135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 918 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTTATGT GGCAAAAACG 60  
 TTGAATTTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120  
 35 CACATTTTAT TCAGATTTTT TATCGCGCTC CATTAAATCT TTTACGCATT CTTTTACTGA 180  
 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATTTTTTTC 240  
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCATTTT 300  
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAATTCGG 360  
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420  
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTCACCTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480  
 45 TAATGCAGCT TTTGCATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540  
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGACAC 600  
 50 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660  
 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAATTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720  
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900  
 GTAAATATCT GCAAATTG 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 587 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTTCGTATC ATTACATTAA 60  
 TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATT AACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120  
 TCCATCCTTT AACAAATTATC GTTGTTATTT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180  
 TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAAC GGTGTAGT AATATTTTCA 240  
 AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300  
 GTCTTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCCA 360  
 TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCMAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420  
 TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480  
 GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540  
 TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 812 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60  
 TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120  
 TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180  
 TATGTGTGTC TCTCGCTTTA ATTTGTGTTA TAGTTTTTTA TTTTAACTTA AATAGAAAGC 240  
 TTAAGTTAAA AGTGTTTGAT ACAAATATTG AAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwACCAA 300

TTTCATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATT ATTTATTGGA 420  
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTTAA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480  
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540  
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600  
 10 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660  
 CCAAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTTGAT GATTGATTGA GTAAGTACAT 720  
 GGTTAGCACT CTTTTTCCCA ATGATTAATT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780  
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAAACT TTAAACATTG TG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 526 base pairs  
 20 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAATGGAT TTTCGTAAAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60  
 TCTCAATAAC TTITAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120  
 30 CACTTTGTAA TAACTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATTACATTACCAA 180  
 TTAATATATC AATTAACGTT GACTTTCCAG CACCATTTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240  
 35 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300  
 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360  
 AAATTTATTA GATTTAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420  
 40 TTAGATkTAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAATATAA AAGAGCCTCT 480  
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAaATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4544 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

	GGAACACCTA	AAGAAAGAAA	TGATGCATTA	AACACAGAGG	CTGATATCTA	TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA	CTAAATGGTT	ATGCGATCAA	TATAAAAAAG	AATGGCCATT	TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG	AACTGTCTAC	ATTTAAAAGT	CCTAAGAGTC	AAAGGTTTAA	ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC	CACTCATTAA	TAGATTTATA	GGATTAACAG	GAACACCTAG	CCCAAATAGT	300
10	TTACAGGATT	TATGGGCTCA	AGTTTATTTG	ATAGACAGAG	GCGAAAGACT	TGAGTCTTCA	360
	TTCAGTCGTT	ATCGAGAAAG	GTACTTTAAA	CCAACACATC	AAGTTAGCGA	ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC	TAAGAGACGG	ATCTGAAGAA	AAGATATATG	AACGAATAGA	AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA	AAGCGAAAGA	TTATCTAGAT	ATGCCTGACA	GAGTTGATAC	TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT	CTGAAAAAGA	AAGAAAAGTA	TATGCAGAAT	TAGAAAAAAA	CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG	AAGAAGGAAC	AGTTGTAGCT	CAGAATGGGG	CATCATTAAG	TCAAAAACTA	660
20	CTTCAACTAT	CTAACGGTGC	AGTTTATACA	GATGATGAAG	ATGTAAGACT	TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG	ATAAGTTAGA	GGAAATTATA	GAGGAGTCTC	AAGGCCAACC	AATATTATTG	780
	TTTTATAACT	TCaAACATGA	TAAAGAAAGA	ATACTTCaAA	GGTTTAAGGa	AGCAACCACA	840
25	TTaGAGGATT	CAAACTATAA	AGAACGTTGG	AATAGTGGAG	ACATTAAGCT	GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA	GTGCAGGGCA	TGGATTAAAC	TTACAACAAG	GTGGGCACAT	TATTGTTTGG	960
30	TTTGGACTTA	CATGGTCATT	GGAATTATAC	CAACAAGCAA	ATGCAAGATT	ATATAGACAA	1020
	GGACAAAATC	ATACGACTAT	TATTCATCAC	ATTATGACCG	ATAACACAAT	AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG	CTTTACAAAA	TAAAGAACTA	ACGCAAGAAG	AATTGATGAA	AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG	CTAAGCATAA	GTAATGGAGG	TATAAGATGG	GAAAGGCATC	ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA	CATTTAAATA	TATTGAGTCA	GAGATATATA	ACCTACAAGA	GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA	GATTGAGAAT	GGAGATACTT	AACCCAACGA	AAGAGCTAGA	CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC	CGTTGCAAAA	AGGTGAACCA	GTTAGAACAA	CTGAACTAAT	GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA	ATAAGATGTT	ACGAAACCTA	GAAGAAATGG	TCGAAGCAGT	TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT	TACCTGAAGA	TCATAAGAAA	GTAATTAGGC	TAAAGTATTG	GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA	AGATAGAGCA	AATAGGAGAT	GCATGTCACA	TGCATCGTAA	TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA	AGAACTTTGT	TAAAGCGGTA	cGwtATCATG	CAGGTATCAA	ATAACATTGT	1620
50	GCAAAGATTG	TGCAAAAGGC	CTACAAATCT	GTAGTAATAT	GATAGTATCG	GAAAGATGTA	1680
	TAAAGTTATC	TAAAAGTTAT	ACGACACAAG	TACACGAGGC	ACATCGCTAT	GCGtGTGTCT	1740
	TTTGTTATGC	AATCAAAGAG	GTGTAAGAGA	TGACCAAGCA	TAATAACATT	TATAAGCATG	1800

55

	AGATAGCATT AGATAGGGAT AATCATCTTT GTCAAATGTG TTTACGTGAA GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA CATAGTGCAT CATATTATTT ATGTTGATGA AGATTTTAAT AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA TTTGATGTCA GTTTGTTATA GCTGTCATAA CAAAATTCAT GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG TAATCTTAAG AAAATTAGAG TATTAAAAAT TTAAATAAAA AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC CCCCTACCCA TCGGCTTAAA ATGTTTTTTC GACGGGTACC GGCAGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC AACGCGGATA AACTTTTATG AAAGGGGGTC TTTATATGAA ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA AAGAATATAT AGAGGATTAT AAAAAATCTG ATGACATATT AATTAATTTG	2280
15	TATATAGAAA CGTATGAATT TTATTGTCGG TTAAGAGATG AACTTAAAAA TAGTGATTTG	2340
	ATGATAGAGC ATACAAACAA GGCTGGTGCG AGCAATATTG TTAAGAATCC ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA AAACAGTTCA AACACTAAAT AACTTACTCA AGTCTATGGG TTAACTGCA	2460
20	GCACAAAGAA AAAGATAGT TCAAGAAGAA GGTGGATTCG GTGACTATTA AAGTTTTAAA	2520
	TGAACCTTCA CCAAACTAT TAACAACATG GTATGCAGAG CAAGTCACTC AAGGGAAAAT	2580
	AAAAACAAGC AAATATGTTA AAAAGAATG TGAGAGACAC CTTAGATATC TAGAAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG GTATTTGATG AAGAATTAGC GCACCGTCCT ATTCGATTCA TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT TCCAAAGGAT CTAAACGTCA ACTTGTATTA CAACCATGGC AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT TTGTTTGGTT GGGTTCATAA AGAAACAAAA CTGCGCAGGT TTAmAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT ATGGGGCGAA AAAATGGTAA AACAACTACT ATATCTGGTG TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT CAAGATGGAG AAAACGGCGC TGAAATCCAT CTTTTAGCAA ACGTAATGAA	2940
35	ACAAGCTAGG ATTCTATTTG ATGAATCTAA GGCGATGATT AAAGCTAGCC CAAAGCTTAG	3000
	AGAAAATTTT AGACCTTTGA GAGATGAAAT TCATTACGAT GCAACTATAT CTAAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT TCAGACAGTG ATAAGTTGGA TGGTTTAAAT ACACATATGG GCATTTTTGA	3120
40	TGAAATTCAT GAATTTAAAG ATTATAAATT GATTTTCAGTT ATAAAAAACT CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA CCCCTTCTTA TCTACATTAC GACAGCAGGG TACCAACTAG ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG GTAGAAGCGG GAAGAGACAC CTTAGATCGA ATCATCGAAG ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT TTAGCTTCTC TCGATGATGA CGATGATATA AATGATTCGT CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT CCTAACCTAG GTGTTTCTAT CGATTTAGCT GAAATGAAAG AAGAGTGGGA	3420
50	AAAGGCTAAG AGAACACCAG ATGAACGTGG AGATTTTATA ACCAAAAGGT TTAACATCTT	3480
	TGCTAATAAT GATGAGATGA GTTTTATTGA TTATCCAACA CTTCAAAAAA ATAATGACAT	3540
55	TATTTCTTGA GATGAGTTGG AAGGTAGACC ATGTACTATA GGTTATGATT TATCAGAAAC	3600

AACACATTCT TGGATTCCCTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720  
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780  
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACTTATGA 3840  
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900  
 AACwAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960  
 10 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020  
 GCTGAAACTA GACAGAAATG GGAAGTGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAAT 4080  
 15 AGATGGTTTT GCAGCATTTT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140  
 CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTTATTAG TATTArAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200  
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260  
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTTGGG 4320  
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT ACnAAGTTAT 4380  
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG 4440  
 25 AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTCACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500  
 ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 881 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60  
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120  
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180  
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATCCCG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240  
 ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300  
 AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360  
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420  
 AATAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600  
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660  
 5 ATTGAAGGTG TATTGatGTA TTTTGATGAG AGTGTAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720  
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAAACAATT 780  
 10 GCGAATAATA CmaAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTAAA 840  
 TATGGGTACC ATGATTTanA AAAATTGGAT GAnATTTACC C 881

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

- 15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3122 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

25 TGAATaaaa TATATTAATA GATAAACACA AATGTGTCCa AATACCCCTA GAGGTATTTG 60  
 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAAATACCC CTACAGGTAT TTTTAGGGAG GTTATTATGA 120  
 AACAATACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AAAGTAGCCA 180  
 30 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240  
 GTTCCATACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300  
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360  
 35 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420  
 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480  
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540  
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600  
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACAATGGAA 660  
 TTAATGCGAT TATTCAAAA GAAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720  
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780  
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840  
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTA AAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900  
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGTTT 960  
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTTGATTCA TTACCAACAC 1020

	TCATGGGTAT	TCAGAAAGAA	GAACCTAGAG	ATGAAGTTGA	GTACGGTGGT	GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC	TACTGAAAAT	GCGAATCATA	ATTTATTTAT	CTAATTAAAT	CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT	TATCATGTTT	TTTAAACAGT	TTTACGATAA	TCATTTATCT	CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG	TTGTCAACGT	ACAGGAGAGG	CAATAATAAT	AGACCCTGTT	CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT	AGAAGTTGCA	GATTCTGAAG	GTTTAACAAT	TACACAAGCT	ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC	TGATTTTGCT	TCAGGAATTC	GTGATGTGGC	TAAACGCTTA	AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC	TGGCGAAGGT	GAAGATGCAT	TAGGGTATAA	AAATATGCCA	TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA	ACATGGAGAT	ATCATTCAAG	TAGGCAATGT	TAAATTAGAA	GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA	CACGCCTGAA	AGTATTAGCT	TTTACTCAC	TGATTTAGGT	GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT	GGGATTATTT	AGTGGTGA	TTATTTTGT	TGGTGATATA	GGTAGACCTG	1680
20	ATTTATAGA	AAAATCTGTT	CaAATAAAgG	GTTCTACAGA	AATTAGCGCG	AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT	TCAAAATATT	AAAAATTTAC	CAGACTATGT	TCAAATCTGG	CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG	CCCTTGTTGGT	AAAGCATTAG	GTGCCATACC	TATATCTACA	ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA	TAACTGGGCA	TTTAATGAAA	TTGATGAGAC	TAAATTTATT	GAATCATTAA	1920
	CATCAAATCA	ACCAGCACCA	CCGCATCATT	TTGCACAAAT	GAAACAAGTT	AATCAGTTTG	1980
	GTATGAATTT	ATATCAATCA	TATGATGTTT	ATCCTAGTTT	AGATAATAAG	AGAGTAGCAT	2040
30	TTGATCTTCG	TAGCAAAGAG	GCCTTTCACG	GTGGCCACAC	AAAAGGAACA	ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA	AACTTTTATT	AATCAAATTG	GTTGGTACTT	AGATTTTGAA	AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG	AGATAAATCT	ACTGTTGAGA	AAGCGAAACA	CACTTTACAA	TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT	AGCAGGCTAT	CGTTTGCCAA	AATCAGGCAT	TTCAACCCAG	TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT	GACAGGTAAA	GAAGAACATG	TATTAGACGT	ACGTAATGAT	GAAGAGTGGA	2340
40	ATAATGGACA	CTTAGATCAA	GCAGTTAATA	TTCCGCATGG	TAAATTATTA	AATGAAAATA	2400
	TTCTTTTAA	TAAAGAGGAT	AAAATATATG	TACATTGTCA	GTCAGGTGTT	AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG	TATATTGGAA	AGCAAAGGTT	TTGAAAATGT	GGTGAATATT	AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT	TCCAGAATCA	TTAAAATAAT	TTAAGGATGT	GGAAAAATG	AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT	TATTATTGGT	GGCGGTACAG	CAGGTGTTAC	CGTAGCATCA	AGACTATTAA	2640
50	GAAAAAATCA	AACTTAAAA	GAGAAAATAG	CAATTATAGA	TCCAGCAGAC	CATCATTACT	2700
	ATCAACCATT	ATGGACGTTG	GTTGGTGCAG	GGGTATCTAG	TTTGAAAAGT	TCTCGTAAAG	2760
	ATATGGAAAG	TGTTATACCT	GAAGGTGCTA	ACTGGATAAA	ACAGGCTGTT	TCAAGTTTTC	2820

55

TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG 2940  
 GTAAAAATGG TGTTTGCTCT AACTATTACAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAACCAAA 3000  
 5 TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG 3060  
 GAGGTGCgCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC 3120  
 GT 3122  
 10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3982 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

ATAnAGATAT AnATnAATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAAATTT TAACAATTCT 60  
 ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT 120  
 25 AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTTAC TGGCAATATC 180  
 TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT 240  
 AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTCAAG TATATCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT 300  
 30 TTTTAGAAAA AAGAATGTCG ATTTGACAGA GGTGTGCGTT TTAsAsCATT TAATTCAATG 360  
 GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT 420  
 TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGCTTTTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT 480  
 35 ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA 540  
 AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGtGTCTTTT TTGTTGTGTG 600  
 40 GTTTTATTTT TGAAATTCGA AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTTGACTAGT GTATAAGTGC 660  
 TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT 720  
 TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT 780  
 45 AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC 840  
 GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG 900  
 TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC 960  
 50 TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAAATTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA 1020  
 TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTGAA TATGGTGCAC GTCCACAATT 1080

	TCAAAATCTT	GTGAGAGAAT	TTGAAAAAAC	ACATACTGTC	AGTGCACACA	GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC	AACTTAGTTT	CGTTTGAATA	CAAAGTGAAG	AAAATGGTCT	TACAAGAGCG	1260
5	AATTGATAAT	GTATTA AAC	AAGGATTAGT	TAAATAAAC	TTCAATCGTT	GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT	AATTAAATGT	TATGTTAATT	TTTGTTAATG	AAAAAAGTAA	TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTTAA	TGTAATTGTC	CTGAAATTGA	CTATATACTC	AGTAAGTATC	AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA	ATGAAATTTA	AAAAATATAT	ATTAACAGGa	ACATTAGCAT	TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG	ATAGCAACTA	TAGAAGGGAA	TAAAGCAGAT	GCAAGTAGTC	TGGACAAATA	1560
	TTTAACTGAa	aGTCAGTTTC	ATGATAAACG	CATAGCAGAA	GAATTAAGAA	CTTTACTTAA	1620
15	CAAATCGAAT	GTATATGCAT	TAGCTGCAGG	AAGCTTAAAT	CCATATTATA	AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT	GAATATAGAG	CTAAAGCGGC	ACTTAAGAAA	AATGATTTTCG	TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA	GTTGCATTAG	AAAAAATATA	CAAAGAAATT	GATGAAATTA	TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA	CAGGTTGAGA	CAAAAAATGG	TCTTAACCTG	TTTTCAATTT	GCATATGTGA	1860
	TAAATTCTAT	ATCAAAATGC	TTATGTATAA	TGAATGACAT	TTAAAAGTAG	GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA	ATAGTTCCTA	GGATTACTCT	CAAAATAACT	ATATCAATTA	TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT	TTTAAATAT	GTACATGTTT	AAACAATCAA	AAGTGTACAA	TATTAAATTA	2040
	TCATTTCCAG	TTCTAGTGCT	ATATTGGTAG	TAGTTGACTA	AATGAAAATA	AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC	AATACTCGTG	GGGCCACAAC	AGAGAGAAAT	AGGATCACCA	ATTCCAACAG	2160
	ACAATGCAAG	TTGGCGGGGC	CCCAACATAG	AGAAATTGGA	TCACCAATTT	CAACAGACAA	2220
	TGCAAGTTGG	GGTGGGGCCC	AACACAGAAG	CTGGCGAAAA	GTCAGCATAC	AAAAATGTGC	2280
35	AAGTTGGCGG	GGCCACAACA	GAGAGAAATA	GGATCACCAA	TTCCAACAAA	CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC	CCCAACATAG	AAGCTGGCGA	AAAGTCAGCT	TACAAAAATG	TGCAAGTTGG	2400
	CGGGGCCCCA	ACATAGAGAA	ATTGGAACCC	CAATTTCTAC	AGACAATGCA	AGTTGGGGTA	2460
40	GGACATCGAT	AAAGAAATAC	TTTTTCTTTA	GCAATTAGTA	TTTCTTATGC	ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT	CATTTTTTAA	GTACaCATTa	GCTACAGCTA	ATGATAAAGA	ACCACTACAT	2580
45	AATAAATCAT	TAGTGGTTCT	TTATCATTTT	TATCTCACTC	TTTTACTGGA	AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA	GAACATGCCA	CAATACCAAA	AATAATTAAG	AAAAATAAGA	CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT	TTCAAACAAC	CTCTATCAGT	TTCTTTTCGAT	TTTCTTTGTT	GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA	AGTAGTTTTG	CGGCTTTTTT	ATTTATATGT	TTATTCATGA	TGTTGACTCC	2820
	TTATAATATA	TGTTTAATTC	ATTAAAATAG	TTGAAAACAT	GACTTGAAAT	AAAGATATAA	2880

55

## EP 0 786 519 A2

AATTTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT 3000  
 AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA 3060  
 5 ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA 3120  
 ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA 3180  
 AAATCCGCAT CATTTGTTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT 3240  
 10 GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTTG TTCACCACCT TATACTTCTA 3300  
 TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT 3360  
 TTTCAATTTGC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT 3420  
 15 TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTTGG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACITTTATT 3480  
 AGCTACGTCA ATTGTAAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTCCATC 3540  
 TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC 3600  
 20 GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC 3660  
 CATTTGTTAA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA 3720  
 25 ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT 3780  
 GTACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAAAACGAT TTTAAAATAA 3840  
 TTCTGCAAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACITTT 3900  
 30 ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAAA TntCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT 3960  
 GTCATGTTAG CCAATTTTTA AG 3982

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1353 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45 AGCTTGgATG ATTTAATaTG GtCctTTCCC AaCcTTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC 60  
 TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATcA ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT 120  
 GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA 180  
 50 TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA 240  
 GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA 300

## EP 0 786 519 A2

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420  
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480  
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540  
 AGATAAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600  
 TCATAAAAAT ATGGCTCAAT TAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660  
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720  
 AGTTTCTGAA CAACAAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780  
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAAACACC TGTAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840  
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAAACTTGTG GTTCTGCAC CAACAAAGAA 900  
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960  
 20 GCGTCAAAC T CAGCAACAAA TTATTTATAA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020  
 TGAAAGTCAT GATTTACAAA CAACGCATCA ATCACCAACA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080  
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140  
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200  
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260  
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320  
 30 TAATAAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1987 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60  
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTAAATACT TTACTTTCTT 120  
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACCGC ATTTACGTGA 180  
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240  
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300  
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

	TGTTAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT	480
	AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA	540
5	CTTCATGGTT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT	600
	ATTCAATTCCT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC	660
	TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTGT	720
10	GTTGTTCTTT TTGTTGTTTT AATTTCACTT TAACTTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA	780
	CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA	840
	CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA	900
15	TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC	960
	GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA	1020
20	TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATTG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA	1080
	ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC	1140
	CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA	1200
25	GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG	1260
	AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA	1320
	ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAAA TTGAATCGCT TTAATACCTT	1380
30	TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTTCTG	1440
	CTTTAACTTG TTTTTTATTA TGTAATTGGa CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT	1500
	GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTATTATTG aTAGATAACA CCTGAACCTA	1560
35	CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTTGC CyTTTAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT	1620
	TTtGCATGk AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG	1680
40	TACCGAATTT CTTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA	1740
	CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTGCTTATA CCAAGTACTA	1800
	GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGtTTTAAAC CATGGAAATT	1860
45	TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTTGGCTAT GGTtTGTTGT AGAATGATCT GTATGATTAA	1920
	AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAATTAT GTCTTTTtTT	1980
	TATAATT	1987

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1351 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTAT GGCCTCTAT CGAGTATACT ATTAACCTCA ACTATTTTAG	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAACG GCCATATGAC ACTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCACCTTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAT ATAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CCAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACAACAA GAAAAACAG	360
	AACTGATTCA AAACCTAGCC CATGATTTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTTTCATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAAACA TATCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA TTACTTGTAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATT	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTCAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
	CAAAAACGGG TGGTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAAGTCGCG CAACAAAATA	960
35	ACGCAAAAAT CAGTGAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTT TTGTTTATTT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAACCTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTCACCTAC AACACCAATT GAAATTAAC	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 433 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTTACCG ACTTTTCAAG TACACAAcAA TATATATGTC 60  
 TATTCCATTT TTAGCCCCcTG CCATTTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120  
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180  
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTTAACAC CATATTGGTA 240  
 CTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTTA TTGTGGCAAA AGGTTTATAA 300  
 ATTTTAATAC CAAAACATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAAATA TCAGAAGTGT 360  
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAACGC CCTCCTCTTA 420  
 TTTTGACCCC nAT 433

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1845 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 25

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTCCG CAATAGAGAT 60  
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120  
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180  
 35 TGTTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240  
 TGCTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300  
 TCAATATTTT CAAGTTTTCC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360  
 40 GAACCTGATG CAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCAACAAT TCAATTGCAG 420  
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480  
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540  
 45 TAAAAATGTT ATACATTCA TTTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600  
 TTTTGGTGT TGGAAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660  
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAACTT 720  
 50 CTTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTTCGACAT ATAATTTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

55

5 GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900  
 CCTCTTTCAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960  
 10 CAGCTACATC ATATTGCGCT TCGTGATACA TTTACCCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020  
 TAAGTGCAGT ATTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTTAACAATT TGTTCAATAA 1080  
 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140  
 15 TCGTTAAAAAT ATCATTAAACA CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200  
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTTGCTAC CTACTCCGTC TGTTCCAGAA ACTAAAACTG 1260  
 GCGCTGtCAT ATTTAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320  
 20 TAACCTCTTT ACGCATCGTA CGtTTAAcAw GaCtAGaCaT TctTTcTACA GCTTCATAAC 1380  
 CAGCATGAAT ATTTACACCA GATTGTTTAT ATGCTTTAGA CATTTAAATT TCCCTCGCTA 1440  
 TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500  
 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560  
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT 1620  
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAAGTGA TTTGCTTGCA 1680  
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTTGGAAA CATAAATTCC 1740  
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTKATTT GCACCAGAAT CKTTTAACAT TTTACAATG 1800  
 30 CGTCGAATTG TCGTACCGCG nACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 1141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

40 TCATAAAtnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAATTT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60  
 TGAAGCTTGT GGCCTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC 120  
 45 AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180  
 CTTATCTTTA TCTGTCGTAT CATTTTGTTT TTTTCTCAAT AACTATTAT CTAAAGGCGT 240  
 50 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTTTATC 300  
 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTTT GAATGCTTTC 360

55

AGTTTAAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTTGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480  
 AGTTAAATTA TGCTTTGCAT TTTTACCTAC AATTTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540  
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATTCCATTT GACGTTGTCC 600  
 ACGTTTTAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660  
 10 TAATTTTGG TACCCTTTTT TAATTTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTTCATT 720  
 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780  
 TTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840  
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900  
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960  
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTCAGCAT CCTGTCCTTT 1020  
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTCTCTC 1080  
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140  
 A 1141  
 25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1565 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGcNc ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GCGCCAACA 60  
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATamCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120  
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180  
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240  
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAGTTAAA 300  
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360  
 GGTAAAACAA AGGAAGCTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420  
 50 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTCGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480  
 TACAAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540  
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATTGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600

GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAAA TAAAGCCTTG 720  
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780  
 5 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840  
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900  
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTTAC AAGTATGGCA 960  
 10 GCATTAACCT TGTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020  
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATT 1080  
 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTACTGAT 1140  
 15 GTAAAACTG ATAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGTT 1200  
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260  
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320  
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380  
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440  
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTCAC ATTGGAAAGT TAAAATTGAT 1500  
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAACTGGT 1560  
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2870 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTTAATATAG 60  
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120  
 45 TCATATTTAT TTACTATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTC CAATGATAAA GATTGCGTTA 180  
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTGCGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240  
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300  
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360  
 TTGATTAGTG CAGGTATAtC TGGrATTcYg GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

	GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA	540
	TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTGTATTT TACTTTCCAG	600
5	AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC	660
	TCACCATTTA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT	720
10	ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG	780
	CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTC TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA	840
	CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCTTGCT	900
15	ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTCTT TCAAAATACA	960
	TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA	1020
	ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTCTG CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTG	1080
20	CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT	1140
	ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA	1200
	ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTAA	1260
25	TAAGGGATGG TCAAATGGAA GGTTCGAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG	1320
	GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTGTCCGC GGTGGTCGTG	1380
30	AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTTGTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA	1440
	TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT	1500
	CTCGCTGTCG TGTATTGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACTT	1560
35	TGACTAAAAC GCGGATTTAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG	1620
	ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT	1680
	ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC	1740
40	TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCATA	1800
	AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG	1860
	TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA	1920
45	AAATTGCCCC AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AAACGACTA	1980
	TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA	2040
50	ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT	2100
	TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA	2160
	AAAGTTGGTT TGTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATA AGAGATTATC GATACAATAG	2220

55

TCAATGATTC TGCATGGCAA ATGAGTTTTA CAATCAATCG TCAGCAACAG TTAAAGACC 2340  
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400  
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460  
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATTC 2520  
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580  
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTATTGG TAACTTTGCA GAAACAGAGC 2640  
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700  
 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTGAT CTTGCGTCT 2760  
 15 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820  
 CGAAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3105 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:

30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTTGG AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60  
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120  
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTC TATGACGCTT AAAGAAATGG 180  
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240  
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTTCA 300  
 40 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AAAGTAGAGT TGTGGAATTT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360  
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420  
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTGT TGTTGGCATT AATTTTTCOA 480  
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAAaTGCTT AAGAAATTTT 540  
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGTTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600  
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTG 660  
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAATGA 720  
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

55

	TATATGATGT TCAATATTTT CATGTCCATC TTTTATTAAA GAAACATGAT TGAAATCCTT	900
	AACTTTATCA CGTGTATTTT CCAAAGCTAA ATCTTGAATG TCGAAACCAT AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT TGTTCCGCTA AAAATAAAGT GTCATTGCCG TTACCGCAAG TTGCGTCTAC	1020
	AACAATACTT TCTGGTGTTA TATGTTGTTT AATAAGTGTT TTTGAAAAAG GGAGTATACG	1080
	TTCTAATTTT ATTGCTTCAC CTTAGACTTG TAACGCAAGC CTTGATAAGA ATTTCTACGT	1140
10	GCTAATTCAG CATCGATGCC ATTTAATACT TCCCATTAT TAACACTCCA CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT CTATTGGACC ATCACCAGTA ATTCGGTGAA CGATCATTTT AGGGGGAATC	1260
15	ACTTCTAATT GGTCCACAAC TAGGTTTGTG TACTCTTCTT GAGTCATAAA AGTTAATAAA	1320
	CCTTTATCGT ATTGTTTTAC CATCGGTGTA CCTTTTAACA AATGAAGTAA ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA CATCCATTTG TGCACCTCTT TGGCAGTAGC CATCATCATG TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA GCCATTAATG ATGTGTGTAC ATACATTGAT ATTATGCTTA CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC ATAATAAGTT TTCATATCAT GGGCACGATT GATTAAATCA GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT TTGTAGTCCT AATTCAACCC ATAAGTATGT TCGTTGATTG AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC AACATCGTCT GGTAGACAGT CAGGACGCGT ACCAATAGAT AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC TTAAAGTACA GGTTCGAATT TTTCTTTTAA TACTTCAACC GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAA TGCCTGAAAA TAAGCAATAT ATTTTCCTTC GTGCCATTTT TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT TTCTTTAAAT TGTACTGCGA TTGAATCTGC ACGATTACCT GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC AGCAGAACAA AATGTACATC CACCATGTGC TACAGTGCCA TCGCGGTTAG	1920
35	GACAGTCAAA CCCGCCATCC AATGCAACTT TAAATATTTT TTGTCCAAAT TTATTTTTTA	1980
	AATGGTAATT CCATGTGTGA TAACGTTTGT TTTCAAAAGC GTATTGGAAA TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT TCCTTTCTAT AAAAAAAGAG TTCTAAGTAC AGATTTTAAC ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT TTATTATAGT TTGACAAAAA AGAGAGAGGA ACTATGAAAT ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT CTGGTGGCTA GTAATTGGCA TGGCGTTAAA TATTACTGGT TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT AAATACAATT TATATGAAAC AAGAACTTGG AAAAAAGTTA ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT AATGATAAAT TCATTGGCA TGGTTATTGG AACTTTATTA GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA ATTAGGTGGA TACAAGACGA TTTTAATTGG AACTTTCACT TGTCTTTGTA	2400
	GTACAACGCT ACTTAATTTT TTTCACGGGT GGCCTTGTA TGCTGTATGG CTTGTAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG TGGCGGAATG ATTATTCCTG CGATATACGC TATGGCTGGA GCAGTGGGC	2520
	CAAATGGCGG AAGACAAACG TTTAATGCGA TATACTTAGC GCAAAATATT GGTGTGGCTG	2580

55

	ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA	2700
	ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT	2760
5	TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT	2820
	GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG	2880
	TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTC	2940
10	TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTTATGT	3000
	TGTCGTTCTT TGTACAGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA	3060
15	TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT	3105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5532 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

	TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG	60
	AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACTTGCTG	120
30	AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA	180
	CATCAGCACC AGTGTTGCA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC	240
35	ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTTAG	300
	GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTACAG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG	360
	AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAAATGAAA TTAGTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT	420
40	GGTTATATGA ATAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GG TAGAAAGG	480
	GTTTTGTTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA	540
	GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT kGGTAACACG TAtTaAAAAaG AGAGGAATAT	600
45	TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGaAA TATTATTTTCG	660
	ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT	720
	TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT	780
50	TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTGTaAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT	840
	TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAAC TTTATTAATA	900

	GATACGATTA TATTA AAAACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT	1020
	TAGAAATTCA TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA	1080
5	TATTAAGATA ATTCTGACAT TTAAAATGAG ATGTCATCCA TTTTCTTAAT TGAGCTTGAA	1140
	AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT	1200
10	CGTGGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG	1260
	ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA	1320
	TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGGACGTC GTATGCAAAT	1380
15	TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTATACAT TAGGTAGTCC	1440
	AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC	1500
	TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTACT ATTACAAAAC CAAGACCTGG	1560
20	TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTTACGAA ATGTGCTAGA	1620
	GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGTT	1680
	ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTGTGT GAAATAGGTG GAATTAAAGA	1740
25	TAAAGATTTT TATGATTGAG AACATTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTGCTGT	1800
	AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCG AGATAAAATT GACGAAGCTA AAAATGAAGG	1860
30	AGATTCAATT GCGGGTGTG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG	1920
	TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA	1980
	TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA	2040
35	GATTCAAGAT GAAATTCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT	2100
	AGGTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAATT ATCGTTAATG GTGTAATGAA	2160
	ACCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT	2220
40	TAAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTTCT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA	2280
	ACATGTGCGTA GCATTTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT	2340
	TGAGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGAGT TTTAACAACA	2400
45	AGAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA	2460
	TATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCAGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA	2520
50	GTTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT	2580
	TATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG	2640
55	AGCAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCCATCA TGTAACCTCG AATACAGCAA	2700

	ACGAGGCGTG	CACTTTATAC	AAGTGCCAAC	GACTATACTA	GCGCATGATT	CTAGTGTTGG	2820
	CGGTAAAGTG	GGTATTAAC	CAAAGCAAGG	TAAAAACCTT	ATCGGTGCAT	TTTATCGTCC	2880
5	AACTGCTGTG	ATTTATGATT	TAGTCTTTTT	AAAGACGTTA	CCATTTGAGC	AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA	GAAGTTTATA	AGCATGCGTT	ATTGAATGGT	GAATCAGCGA	CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC	TTTAAAGATA	GAGAGATATT	ACAGTCATTA	AATGGTATGG	ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT	ATTGAAACGA	AGCTGGATAT	TGTTATTGCA	GATGAAAAAG	AACAAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT	TTAAATTTAG	GTCATACATT	TGGTCATGCT	GTTGAATACT	ATCATAAAAAT	3180
15	ACCTCATGGT	CATGCAGTGA	TGGTTGGCAT	TATCTATCAA	TTTATAGTTG	CGAATGCTTT	3240
	GTTTGATTCT	AAGCATGATA	TTAATCATT	TATTCAATAT	TTAATACAAC	TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG	ATAACTGACT	TGGATTTTGA	AACGTTATAC	CAATATATGC	TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT	AAGCAAGGTG	TACAAATGGT	CTTGATTAGA	CAATTTGGAG	ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT	GATCAACTAA	CATTACAACA	TGCATGTGAA	CAATTAAAAA	CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT	GAAATGGTAA	ATGAACAAAT	CATTGATATT	TCAGGTCCGT	TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG	CCGGGCGATA	AGTCAATGAC	ACACCGTGCA	ATCATGTTGG	CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA	TCTACTATAT	ATAAGCCACT	ACTTGCGGAA	GATTGTCGTC	GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA	CTGTTAGGTG	TAGAAATCAA	AGAAGATGAT	GAAAAATTAG	TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT	CAATCTTTTA	ACACGCCACA	TCAAGTATTG	TATACAGGTA	ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA	TTATTGGCAG	GTTTGTTAAG	TGGTTTAGGT	ATTGAAAGTG	TTTTGTCTGG	3840
	CGATGTTTCA	ATTGGTAAAA	GGCCAATGGA	TCGTGTCTTG	AGACCATTGA	AAC TTATGGA	3900
35	TGCGAATATT	GAAGGTATTG	AAGATAATTA	TACACCATTA	ATTATTAAGC	CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA	AATTATCAAA	TGGAAGTTGC	AAGTGCACAA	GTAAAAAGTG	CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG	TTTTCTAAGG	AACCGACCAT	CATTAAAGAA	TTAGATGTAA	GTCGAAATCA	4080
	TACTGAGACG	ATGTTCAAAC	ATTTTAATAT	TCCAATTGAA	GCAGAAGGGT	TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT	GAAGCAATTC	GATACATTAA	ACCTGCAGAT	TTTCATGTTT	CTGGCGATAT	4200
45	TTCATCTGCA	GCGTTCTTTA	TTGTTGCAGC	ACTTATCACA	CCAGGAAGTG	ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT	GGAATCAATC	CAACACGTTT	AGGTATTATT	GATATTGTTG	AAAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC	CAACTTTTCA	ATCAAACAAC	TGGTGCTGAA	CCTACTGCTT	CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA	CCAATGCTTC	AACCAATAAC	AATCGAAGGA	GAATTAGTTC	CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAACTG	CCTGTAATAG	CATTACTTTG	TACACAAGCA	GTTGGCACGA	GTACAATTAA	4500

55

	AAACTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA	4620
	ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC	4680
5	AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT	4740
	ATCATTTCCTA GGATTTTTTAC CAAAACATAA GCTTTTGTAA AATGAGGGAT AATATAAAAT	4800
	GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAGAA ATTTAGACTC	4860
10	TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTACTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC	4920
	ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACAA	4980
	ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA	5040
15	AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTTGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT	5100
	AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA	5160
20	AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA	5220
	TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AACTGGTGA	5280
	ATATCAAGTT AATGGTGTAA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG	5340
25	KAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGrAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG	5400
	AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA	5460
	AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAAgGCTAC TTGTATTAC	5520
30	aATCaTTATA TG	5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 942 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

	AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC	60
45	GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaaa TTGaACTTAA CTCAAGATCa	120
	ACTTGGAGAA AACTCmACa CTAAAAArGC TACTATTTCA AATTATGAGA CAGGGTACAG	180
	AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA	240
50	TTTGTTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACTCAC	300
	ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA	360

AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT 480  
TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT 540  
5 GGAACCTATG TTAACAACAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA 600  
TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG 660  
CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC 720  
10 GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA 780  
CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTTGAGCAG TGTTTAAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC 840  
TAATTGCAAA ATAAAAAAG AAACATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGTG GTAATCAACC 900  
15 ATTCACCTAT GAGTTACCTA AAGATTTATC GTCACATAAT GC 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 417 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

TGGnAAATGC AAACCAAAAT ATGATCCTCG TGcAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT 60  
30 GGGTAAAGAA TGTTATTTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG 120  
TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT 180  
TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG 240  
35 GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG 300  
GAATAACTAG ATATGATCTT GGTCGTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG 360  
40 AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCGCAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT 417

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 733 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC 60

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180  
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAATATA 240  
 5 ATTAAGAAAG AACAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300  
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTG CTAAACGTAA 360  
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420  
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480  
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTTGGyTC 540  
 15 TCyTAAATCT ATCATTCCTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600  
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAGg ATTTATTGTT GGTTCGTAT CAGAATCTAT 660  
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTTCTGACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720  
 20 CCAACCACAA GTT 733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 6060 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60  
 35 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTTCCTG CGATGCGGGT ATGGGTTCTA GTGCAATGGG 120  
 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTAAAAA GCGGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180  
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240  
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTCCTTAA 300  
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATAA TCTAAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360  
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420  
 45 TAGCCcAtT GATTAAGTAC CACGGtCAAt ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480  
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTGAAGCA TATTTAACTT 540  
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600  
 50 CTGATTTAAA CGATTTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660  
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

55

	TAGAGCTTGA	TTTAAATAAG	TACCAACTAT	CTTTATCTCG	AAAGCGTGGC	GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG	TACTGAATCA	AAGAAACGTG	AATTTTTAAG	TCAATTAATG	GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC	TAGCGTTTAT	TCAGTAATTG	AAAATCATTT	TGTCTTTCAT	TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA	AGACTTTGTT	GACTTAGAGC	GCATTTTTAA	TGTTGAAAGA	CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG	TGCCTTACCC	TACCAACTTA	CCGAATCAAG	TTATTTAACT	TTAACTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT	CTCCATTTCa	CGTATAAAAA	ATGGAGAGTa	TGTCGCATTA	AACGATGATA	1140
	TTTATGATTc	TGTACAAAAc	ACATTTGAAC	ACAAAGTaGc	AAGCGAACTT	GCTGATAAAC	1200
	TTGGTCAAAT	ATATGACGTC	ACGTTTAATC	AGGCAGAAAT	TGCTTTCATT	ACTATCCATT	1260
15	TACGTGGAGC	TAAACGAAAA	AATCTTAATG	ATACATCATT	AAATAATCGT	TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA	AGCGTTTGTT	AACAAAGTAG	AAATGATTTC	CGGTATGACA	TTTGCAGATT	1380
20	TGGATACTTT	AGTAGATGGA	CTGACGCTAC	ACCTTAATCC	TGCAATCAAT	CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA	GACCTATAAT	CCGTTAACAG	ACATGATTAA	GTTCAAATAT	CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT	AAGATTAGCT	TTAAATGATT	GTTGGCCTGA	TTTGATTTTT	CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT	TATAGTtTTA	CACTTTGGTG	GCTCGATTAA	AAACCAAGGT	AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT	AGTCGTTTGC	AGCAGTGGTA	TGGGAACTAG	TCGTCTATTA	TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT	TTTTAGTGAG	ATTGAGCGTA	TTACACAAGC	ATCAGTCAGC	GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT	AAGTCAATAT	GATGGCATTa	TTTCTACTGT	GAATTTAGAC	ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTTAAC	GGTAAACCCA	TTATTACCAG	ATAGTGATAT	CAGTTATGTC	GCACAGTTTT	1860
35	TAAATACAAA	GTCTACGTTC	CAAGAGACGC	ATGATAAATC	ATCAAACATG	ATTGATAAGG	1920
	ATGATGTTCA	TGTTGAAACG	AAAGATGTTG	ATGGCAACAC	ATCTTTTGAA	AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT	AAC TTCAGTT	TTGAAAAAC	ATTTAAGTGA	CGAAAAATCA	GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT	GCGTTCGGGT	TTAACTTTGC	TTGATTCAGT	GAAAATAGTT	AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG	GCAAACATAT	ATCGCAGATT	ATCTATATCA	ATGCGATGTA	ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT	CGCTGAACTA	CTAGAGCAAC	GATTGATTGA	CAATCCAGGA	TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC	TGTTGCAATA	CCACACCTAA	GAGACAATAT	GATTAAACAC	CCTATGATTc	2280
	TAATCACAGT	TTTAGAAGAA	CCGTTAACAT	TGCCTAGTAT	TCAAAATGAC	AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT	GATTTCCATG	TTTATTTCTG	ACAATGATTT	TATGGCATCA	CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTCGGA	ATTTTTAAGT	TTGAAATTAG	AATCTATTGA	TACTTTTATG	GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA	AACATTATTA	AGAAACAAAT	TTTTAGAACG	AATTAAAAAA	CAATTTATTT	2520

55

	TAACAGCCAA	AATGAAGCAA	TTGAAAAAGC	AGGTAAAGCC	TTAGTTGATA	GTGGTGCTGT	2640
	AACAGATGCT	TATATTCAAG	CAATGAAAGA	TCGTGAGCAA	GTCGTATCAA	CATTTATGGG	2700
5	AAATGGCTTA	GCAATTCCTC	ATGGCACAGA	TGAAGCTAAA	ACAAATGTGA	TTCACTCAGG	2760
	TTTAACATTA	TTACAAATCC	CTGAAGGCGT	TGACTGGGAT	GGCGAAGTAG	TTAAAGTTGT	2820
	CGTGGGAATT	GCTGGTAAAG	ATGGCGAACA	TTTAGACTTG	TTATCTAAAA	TTGCAATTAC	2880
10	ATTTAGCGAA	GAAGAAAATG	TGGATCGTAT	CGTTCAAGCA	AAATCTGCAG	AAGAAATTAA	2940
	ACAAGTATTC	GAGGAGGCAG	ATGCATAATG	AAAGCAGTTC	ACTTTGGTGC	TGGTAACATA	3000
15	GGTCGTGGTT	TCATTGGTTA	TATTCTgCAG	ACAACAATGT	TAAAGTAACA	TTTGACAGACG	3060
	TCAATGAAGA	AATCATTAAT	GCTTTAGCTC	ATGATCATCA	ATACGATGTT	ATTTTAGCTG	3120
	ATGAGTCTAA	AACAACGACG	CGCGTGAAtA	ATGtTGATGC	AATTAATTCA	ATGCAACCTT	3180
20	CTGAAGCGTT	GAAACAAGCA	ATTCTAGAAG	CTGATATTAT	TACAACAGCT	GTTGGTGTTA	3240
	ACATACTACC	TATTATTGCT	AAATCTTTTG	CGCCTTTCTT	AAAAGAAAAA	ACAAACCATG	3300
	TTAATATTGT	TGCTTGTGAG	AATGCTATTA	TGGCAACTGA	TACATTGAAA	AAAGCAGTAC	3360
25	TTGATATTAC	TGGCCCTCTT	GGTAACnaTA	TTCATTTTGC	TAACTCAGCA	GTTGATAGAA	3420
	TTGTACCATT	ACAAAAGAAT	GAAAATATAT	TAGACGTTAT	GGTTGAGCCA	TTTTACGAAT	3480
	GGGTGTGTTGA	AAAAGATGCA	TGGTATGGTC	CAGAACTAAA	CCATATTAAA	TATGTTGATG	3540
30	ATTTAACACC	ATATATTGAG	CGTAAATTAT	TAACTGTGAA	TACAGGACAT	GCATATTTAG	3600
	CGTATgCTGG	tAAATTTGCA	GGTAAAGCTA	CAGTTTTAGA	TGCAGTTGAA	GATAGTTCAA	3660
35	TTGAAGCTGG	CTTACGCCGT	GTTTTAGCTG	AACTAGTCA	ATATATTACT	AATGAATTTG	3720
	ATTTTACTGA	AGCGGAACAA	GCTGGTTATG	TTGAAAAAAT	AATAGATCGT	TTCAACAATT	3780
	CTTATTTATC	TGATGAAGTA	ACACGTGTCG	GACGAGGTAC	ATTACGTAAA	ATTGGCCCTA	3840
40	AAGATAGAAT	TATAAAACCA	TTAACATATC	TTTATAATAA	AGATTTAGAA	CGCACTGGTT	3900
	TATTAAATAC	AGCTGCATTG	TTATTGAAGT	ATGATGATAC	AGCAGACCAA	GAAACTGTTG	3960
	AGAAAAATAA	TTACATTAAA	GAACACGGTT	TAAAAGCGTT	TTTAAGTGAA	TATGCTAAAAG	4020
45	TTGACGATGG	CTTAGCCGAT	GAAATAATTG	AAGCGTACAA	TTCACTTTCA	TAATTTATTG	4080
	AGCTTTGTTT	GAAACAAGAA	GTTTCCAACG	TTATTCGTTA	ACAATCAGTA	ATAATGTAGT	4140
	AGTTCCCTTG	AATTAACAAT	ATTAAATTTT	TGAACATAAA	AAATACTCCC	TTCAACATAG	4200
50	ACACTTAACT	TGTGTTATGT	ATGAAAGGAG	TATTTTTGCG	TTAATAATTT	GTTTTATTTT	4260
	CGAGCCACAG	CCACCTATTC	AATGGCTATT	GGTCATTACT	AAAACAAATT	CATATTAECT	4320

55

	TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTTGG TCTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT	4440
	GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA	4500
5	GTATCTGGTA AAGTTTTPAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT	4560
	TTTGTCTTAG CTGGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA	4620
	TTGCTTCCAT TTGAAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTTG CGTAGyTTTA	4680
10	TTGTTTGCAG CTGAACCAAC TGATTTTTGC GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA	4740
	TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT	4800
	GATGGTTTAT TCGAAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT	4860
15	GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTTGTCGT ACTTTCCTCT	4920
	TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTT GGTTCTGTTA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT	4980
20	TCAGTTGtG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCCTA	5040
	GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA	5100
	TTATTTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA	5160
25	GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGGTGCA	5220
	TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA	5280
	TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT	5340
30	TTACTAGTTA CATCGTTATC CATTGTCGGA CTGTTTGTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG	5400
	TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTTCACCT	5460
	GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTGTG GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC	5520
35	GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTG CATTAGCATT TGAATTTGCT	5580
	GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC	5640
40	ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAATT CAGCAACTTC TGCATTTGTT	5700
	TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA	5760
	ATTTCTTTTG CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTTG CTTGTAAACC	5820
45	ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTT TTAACCTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA	5880
	AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA	5940
	ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTTCT	6000
50	TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT	6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

55

(A) LENGTH: 977 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

10 AACAAAGCCT TCCAATTATC TCGTCGGTA GAACAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG 60  
 CTAAACAGTC CTTACGATTT ATACGGCACG ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTCGATTCA 120  
 TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA 180  
 15 GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCTGA 240  
 AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA 300  
 GCTGATTTAC GTGGATTTGA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG 360  
 20 CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG 420  
 AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG 480  
 AAGATTTCTG TAGACCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAAATTAT 540  
 25 ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAC 600  
 GATCAGCGAT GGATTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA 660  
 30 AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA 720  
 TTTGTCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCATTTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA 780  
 CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA 840  
 35 ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTTAA GCGTtGGGTT 900  
 ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG 960  
 CTTATCCACG GGGAGTG 977

40

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1440 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50 AGACAGTGAT yGaATTTTCAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAATTGGT AACATTCTTC 60  
 TCTATTTTCT AACGTTAgwa TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT 120

55

AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT 240  
 TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC 300  
 5 GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTTGTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTTGTTTCGAT 360  
 TAATTCACGG AACGGTGTTT TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC 420  
 GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA 480  
 10 AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG 540  
 GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CtATTGTAAC ATCTGGTAAC 600  
 15 ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TsTCTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA 660  
 TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA 720  
 ATTGGATTTC GTTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT 780  
 20 TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAA TTTTCTAGT 840  
 GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTCGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT 900  
 TCGGTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTTCA 960  
 25 GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT 1020  
 CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG 1080  
 ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT 1140  
 30 TTATAATTTT TTGCTTTTTC AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTCAATA 1200  
 ATGTCATTTG CTTGTTTAAT AACGAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT 1260  
 AAACCATAAT GTACcACTTA CGTTCCTCAC CTAGCGTTTC AGAACTTGT CTAGTAAAGG 1320  
 35 CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTTGTTCAA TTTCTGTGC ACGTTCGACA TTTACCTTTG 1380  
 CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT 1440

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 784 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50 GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCaCCTAA AGCTTTTAaG TGTTCTACAA 60  
 TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTA GTTACA CCCTCAGCAA 120

55

	CATGTAATGT	TGATGGTTTT	ATCGTTGCTG	TGCCTTCGTC	AACTTCAATA	TTTGCACCCA	240
	TGCGCTTTAA	TTCTTCAACA	TGTTTAAAAC	GCTCCGGATA	AATCGTATCA	GTTACAAATG	300
5	AAGGACCATT	TGCCATAAAT	AATAATGGTG	TAATAGGCTG	TTGCAAATCA	GTAGCAAAAC	360
	CTGGATATAC	TAGTGTTTTA	ATATCAACAA	ATTGATATGG	CGCATTATTA	TTGATGCGAA	420
10	TTCTTTCGTC	TCTTACATCA	ACATTACAC	CTAATTCACT	AAATTTAGCA	GTTAATGTTT	480
	CTACATGTTT	CGGAACAATA	TTATTTAATA	TAACATTTTC	TCCACATGCT	GCAGCGATAC	540
	ACATATATGT	GCCTGCTTCA	ATTCTATCAG	GTATAACTTG	ATACTCAGAA	CCATGTAATT	600
15	CTTTGACGCC	ATTGATTTTA	ATTGTTGATG	TACCCGCTCC	CTTAATATTA	GCTCCCATAC	660
	TTGTTAAGAA	GTTAGCAACA	TCAACTACTT	CCGGTTCTTT	AGCAGCATTT	TCAATTACAG	720
	TTTGTCTGT	TGCATAAACT	GCAGCTAGCA	TAATGtNAAT	TGTTGCACCT	ACGtNAACCA	780
20	TATC						784

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3733 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

	CAATCTCCAC	CAATGACACG	TCGTCATTCTG	TGACCTCATA	CCArACAAAA	AACAGTCTCG	60
35	CAATCAAGAC	TGTTTTCCAC	TCAATATATT	CATCCATTAG	CGTAATAGAT	TATTTGACTT	120
	CTGTAGCTAC	AAAGaTTTTA	CGTTTTTCCC	AAACGCCTGT	cTTTTTCATTG	TAATCATCAC	180
	AAGTAATTAA	TGTTAATTGT	TTATCTTTAC	CTTTTTGTTC	ATCTAGAAcT	CCTACATCTG	240
40	TAGGCtTAAC	ATCTCTTATA	CTTGTCATTT	TATACTTACG	TGTTTCATTA	CCAACTTTAA	300
	AGTACACCAT	ACTACCTTTT	TTGGCTGCTT	TAAGATTGT	AAATTGATAG	TTCGGACGGT	360
	CAATGAAAGT	GTGTCTTGCA	ATTGAAATAT	TTTGATCATC	TAGTGATTCA	TTTTCTTCTG	420
45	CAAAGCTTAC	ACCTCTATTT	AATTGTTTCTG	GTGTTGCTGG	TCCTGGATAT	ACTGGTTCTT	480
	TAATATCAGC	ATCTGGAATT	TCAATATAGC	CTGCCACTTT	CGATTTATCT	TTCGGAATTT	540
	GAGGTTTAGC	TTGCTGCTTT	TTATCTTTAC	TCGCCTGTTC	TTTTACATTT	TTATCATATT	600
50	GTTCAATCTT	TTCATCTTTA	TCTTTATCGT	GAAGATAATT	ATCGATATGT	GGTTTAGCAA	660
	ACAAATATGC	TGCCACTAGG	aTAAGTACCA	CACCAGCGAT	TGTCATTAAT	CGATTTGTCC	720

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTCGCGAC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
15	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC AACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTACTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAGCTT CTGTGTTGGG GCCCAAAAAG CTTGTTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTA CTGCTG CCAA TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
35	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAATT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTTT AACAAGTCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCG	2520
55		

	GAACCAACTT CAGnTTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCATT GTTTGCTACG	2640
	ACACGCCCCA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTAAATCA	2700
5	TGTGTTTTTT CTAATTTAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC	2760
	GTtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG	2820
	CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG	2880
10	CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA	2940
	TTACTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTG CGCTCGCACT TCATCACGTG	3000
	ATTTACCGCT TAATTCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT	3060
15	CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT	3120
	ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG	3180
20	ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTATCTT CATCTATCTT AATAAATTCA	3240
	TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTTAC TTGTGCTTTA	3300
	GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA	3360
25	TTTATATGAA TACCTTTAAT TTTAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA	3420
	ATGTAGCGAC CATCATTACG AGATGATTTG ATATAAGCAC AGTTTGGATG TTGACCAATA	3480
	CTATCGCCTT CTTCTTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTTCTAAT	3540
30	GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATG CTCCACCCAC AATAGCGACA	3600
	TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTTTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT	3660
	TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC	3720
35	TTGAAGGGCC CAT	3733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 525 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

	TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTTAACGCCA AGGCAAATAC	60
50	GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT	120
	TCTCACTCAA TGATTTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA	180

55

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GA~~r~~ACTTTGC 300  
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTAAAAATGC 360  
 5 CAAAACGTAC TTCTACTAAA GACGACATTC GTAAATTTGC AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420  
 ATTTAAGATT ACAATTCACT GATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480  
 10 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CGGTa 525

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1408 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTT TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60  
 GTTGTTTCACT TTAAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120  
 25 AAGTTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTTCA 180  
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240  
 TGaCCATGCT GtAGTGAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300  
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360  
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CcTAGCTAAT TGGACTGGTA 420  
 TTCTGCCTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAAGCTC TTTATTCAGT TCTCTTATTA 480  
 35 TTTGTCTCTG TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgc AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540  
 TATTTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600  
 40 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660  
 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCT AAAATCATTT 720  
 ATAAACAGTC CGTTTTGCTC TAAAGTAACG GTTGGAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780  
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840  
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAGACTCT 900  
 TTTACTAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCAAACC 960  
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTTGT 1020  
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTTCG TCTAAATCAA 1080

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG cATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200  
 TGTATGTTTG ACTTTTGTTY TCTtTAACTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260  
 5 TTyCTTTTTG TTCTGGTGTC ATTTACGCTC CCCCTAmATT AGCyTCATAA CCGAATTCAG 1320  
 TCATGATTTC ATGTATTTTC AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380  
 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 432 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTCTGCAAT GATTTTTATC CGATGCTATG AGCATTaTCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60  
 AAGCAGTTAT TGA CTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120  
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTTTCATCTT TAGGCTTGTT 180  
 ATTAGTAAGT AGTTTAATAC CACTGATTAA CCATAAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240  
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTT TTGTTTTTAG ATGCTTTAAA 300  
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360  
 TACAGTGAAA ATTGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAACTGT 420  
 TGTGACAC AT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2426 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTAAATA 60  
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACArG 120  
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180  
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT 360  
 ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA 420  
 5 AAGATATACG TGTGATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA 480  
 TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC 540  
 AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG 600  
 10 ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT 660  
 TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT 720  
 TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTAGCAACA CGTATAGAAA 780  
 15 GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTAATAAAT AGAACAGAT CAAAATAAAA 840  
 TTTTAAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTTATTG AATTTACAAA 900  
 20 AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCAATA GTAAATCGTC 960  
 CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA 1020  
 ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC 1080  
 25 CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT 1140  
 GGTAATGTAT CTTTGCTTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT 1200  
 GTAATTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA 1260  
 30 AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTAAAGT ATATAAGACC 1320  
 TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT 1380  
 CATTTTAACG TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA 1440  
 35 TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTTGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGAC 1500  
 CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC 1560  
 40 GAATACCAGT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTTAATGAT GTCTCCTCGA 1620  
 GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT 1680  
 CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC 1740  
 45 GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC 1800  
 ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG 1860  
 TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA 1920  
 50 AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT 1980  
 CATGGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAA GCTCGGCAGT AATGTTTGAG 2040

55

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAACTGA 2160  
 ATGtCCTCGG GTTTAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220  
 5 CTCCTTGTTT ATACTTATAA ATTTTACGGG TTAAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280  
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340  
 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATTnCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTIA 2400  
 10 ACTTTTnCA ACAAATGTCT nACATG 2426

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1874 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCGGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60  
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTTAGT CTTAAATCCG 120  
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATT TAATGAGATA 180  
 ATGTCATTTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGGAAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240  
 30 ATGCATTTAT TGTCTGAGTA TAGTTCAAGA ACAGTTGTAT TATCAAAAGG TCAAGTCGTT 300  
 GCTGATACCA CGCCAgTATT GGTTTTAAAT GATAAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360  
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420  
 35 GTACAATTAT TTATTAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480  
 TAGGTTTTCA CCCGGGAAAT AGTCGTATTC ATCAATTAAA TGCGACTGTT AAACTTTTAT 540  
 40 TCTTATTAGT TGTTTCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600  
 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAAAT ATGCTCATAT TGAATGGAAA CAAGTTCGCT 660  
 TTGTTGTTAA ATTCATTCTG TTTTTCACAA TAtTAAATAT TATTGCCGTG TACATATTTG 720  
 45 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780  
 GATTTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840  
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900  
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTCACTA GCATTAAGGT 960  
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTtAt ATATTCACA AGCGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA 1140  
 GACAATTCGG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG 1200  
 5 ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCTTTT 1260  
 TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA 1320  
 GAAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT 1380  
 10 TCCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAAA TATATACACT 1440  
 CCCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC 1500  
 15 CATTTGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT 1560  
 ATTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT 1620  
 TATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC 1680  
 20 ACAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT 1740  
 AACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTTAAATTCA AGCGAGACGA TACTATGGAC 1800  
 GACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAAaAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA 1860  
 25 AAATAAAATT AAAA 1874

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5280 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

TCAACATTTT TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA 60  
 40 ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTCATCTCC 120  
 TAATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA 180  
 AAAAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG 240  
 45 TTGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT 300  
 TAATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTTA CAGTTTTTTAA 360  
 50 AATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT 420  
 TAATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG 480  
 TTTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA 540

55

	AAGCAAGTTT AGCATTGGGA ATGTTAGCAA CAGGTGTAAT TACaTCGAAT GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA aGCAGrAGTT AAaCAACAAa GTGAaTCAGA GTTAAAACAC TATTATAATA	720
5	AmCCAAATTTT AGAGCGTAAA AATGTGACTG GATTTAAATA TACTGATGAG GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT CACAGTAGGG CAACAGCATT CTCGAATCAC TTTACTTGGA TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA AGACGGAGAA AACTCAAATA TAGATGTGTT TATCCTTAGA GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC AACAAATTAC TCAATTGGTG GCGTTACAAA ATCAAATAGT GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT CAATACGCCA ATTTTAGAAA TCAAGAAAGA TAATGAAGAT GTACTTAAAG	1020
15	ATTTTTACTA CATTTCAAAA GAAGACATCT CATTAAAAGA ACTTGATTAT AGATTAAGAG	1080
	AACGTGCGAT TAAACAACAC GGCTTGTTATT CAAATGGTCT TAAACAAGGT CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA TGATGGCACA ACACATACAA TCGATTTAAG TCAAAAACCTT GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA GTCAATCGAC GGCAC TAAGA TTAATAAAAT TCTAGTAGAA ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC AACAAAGCGC TATGTTGAAT AGTGCTTGTT ATGGAAATAT ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC TGTGCTTAG CTTCTTTTTT TGAGGGGAAA AGTTACAAA CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC ACGCATTATC TTTTGCTTAA ATAGCTTAAT CATATTTTAT GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA ATGTGAATAT CCGAATACAG CTCCTATAAT ATGGGTGTAT GATTCAAATT	1500
30	ACGTAATAAA ACAATCTAAT TATAATAGAT TGGAGCATACT AACTATGAAA ATGAAAAATA	1560
	TTGCAAAAAT AAGTTTGTTA TTAGGAATAT TAGCAACAGG TGTAACACT ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA TGCCGAAAAG AAACCTATTG TAATAAGTGa AAATAGCAAA AAATTAAAAG	1680
35	CTTATTATAA TCAACCTAGT ATTGAATATA AAAATGTGAC AGGTTATATC AGTTTCATTC	1740
	AACCAAGTAT TAAATTTATG AATATCATAG ATGGTAATTC TGTTAATAAT ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA TAAGCAACAT TATCATACGG GTGTACATCG TAATCTTAAT ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA TAAGAGATTT GAAGGTGCAA AGTACTCTAT TGGGGGTATC ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAGC TGTCGACCTA ATAGCAGAAG CAAGAGTTAT TAAAGAAGAT CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA TGACTTTTTT CCATTTAAAA TAGATAAAGA AGCGATGTCA TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA ATTAAGAAAA TACCTTATTG ATAATTATGG TCTTTACGGT GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT TACAGTCAAA AAGAAATACT ATGGAAAGTA TACATTTGAA TTGGATAAAA	2160
50	AGTTACAAGA AGACCGTATG TCCGATGTTA TCAATGTCAC AGATATTGAT AGAATTGAAA	2220
	TCAAAGTTAT AAAAGCATAA CACATATACT TGATGACGAA ATAAGTTGAA ATTGAAATAG	2280
55	AGAGGTAAAG TGACGATCAA ACGTTGCTTA ACTTCTTTTT AATGCTTAAA AATTATTTCA	2340

	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCAGT TTAGCACTAG GGCTTTTAAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
10	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGaTTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAAAC AAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGACTCCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCAT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
25	GAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAAT ATTCTGTCCG TGGCATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTTCACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTTCCTTG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTTATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCAG GAACAATCGT	3480
35	TATTAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTCATT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATT CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTTCTTA ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA 4260  
CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA 4320  
5 AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG 4380  
GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTTATGAA TGTTGTCCCA GATTATTTCA 4440  
TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA 4500  
10 ATGTCGATGT ATTTGTCGTT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCTG 4560  
GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA 4620  
15 AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAAGAAC 4680  
AGATTTCCCTT GAAAGAACTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAAATAATC 4740  
TGTACGGTAA CGTTGGTTCA GGTAAAATTG TTATTAAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA 4800  
20 CGTTTGAATT GCACAAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA 4860  
ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC 4920  
ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTATTAT 4980  
25 GTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAAA TATGACGTGG AAGAGACCTG 5040  
AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA 5100  
CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT 5160  
30 AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAATAATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG 5220  
AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG 5280

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 886 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

45 AGTAAAATTG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT 60  
AATCCACCTA AATCAGATTT GAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA 120  
50 GCTTCATCCG AAAAAgGTTT AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCAm 180  
TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGCAAAAAGC TGGTATTAAA 240  
AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT 300

GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT 420  
 AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTTAAATAAA 480  
 5 ATCATTAAATT TATTTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTTGTCTCT 540  
 TGGATAAAGC GTACAAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA 600  
 TCTATATCAC TCATAATATG TTTAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA 660  
 10 TCACTTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA 720  
 CAATAATGCA CTTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA 780  
 15 ATTACTTAAA ACGGGgTtCy AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAGTTTT TACTTTTTTat 840  
 CTGtCCGAtT TTTTnGAAwT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC 886

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4336 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

GGCATTGTG TCCTTATATA AGGAACTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT 60  
 30 TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA 120  
 AACAACTAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTAAATATA TTTGTTTTTC 180  
 35 ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTTAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT 240  
 TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG 300  
 AGCAAATAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA 360  
 40 CAACAGGAAC TTTAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG 420  
 TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA 480  
 AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA 540  
 45 AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAATT TCAACAGCGT AGTTATGAGG 600  
 GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TATACTGTTG 660  
 50 GTGGTGTAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT 720  
 CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA 780  
 AAATAACACT AAAAGAACTG GATTATAAGT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC 840

	ATAACCTTGA TTTAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA	960
	AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT	1020
5	TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT	1080
	CAATCGATAT CGTCGTTAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC	1140
10	ATAAAGGTAA AATTTCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG	1200
	TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGGCGGA GGAATCACAT	1260
	GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT	1320
15	TGCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT	1380
	GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTCCAGG	1440
	TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC	1500
20	AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT	1560
	TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTGCATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT	1620
25	TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT	1680
	GGATTTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA	1740
	AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT	1800
30	AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGC GGCG ACAGCGGGTA AAAAAGCAGG	1860
	CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA	1920
	AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACTGT TGTTACGTGT	1980
35	TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CGGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA	2040
	CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA	2100
	TGATGACACA TTGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA	2160
40	CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGA CTG CAGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTCAG	2220
	TGGTTACGGC AACTTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT	2280
45	ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG	2340
	AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTCGTTA TTTAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC	2400
	TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT	2460
50	ATTTAAAAAA TGTCGCCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT	2520
	TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTTAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC	2580
55	ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC	2640

	GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAAAGATTT GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AAACCTTAGAA TCGAAAAAGC	2940
	CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG	3000
10	TTTCGTGCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAGTAGA TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA TTTTGATTTCG ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTTTTACT ATTCTAATTA	3300
20	AATATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTCAAGAAA CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC	3420
	AGAAAATTTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG	3600
	ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA	3660
30	ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT	3780
35	TTAAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA	3840
	CATGGAACCT AAAATATAAA CAATTAAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA GATAGGTGAT TTCCTTAAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AAACAGAAAA	3960
40	TGAAAATTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAAATG TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA	4080
	AAAGTAAAGT GAATTAAAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT	4140
45	TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAGTTG AGATAAAGTG	4200
	TTATTCGTAA ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA	4260
50	TTAAATTACT TAATAATGAT TAATTTTTAG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCACGACCA	4320
	TTGCTCATT TAATGA	4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

55

- (A) LENGTH: 487 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10 TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGGCA ATTTTCAGGT TAATTTCAAA 60  
 GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCAGC 120  
 ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT 180  
 15 AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGaAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT 240  
 AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTTAA TAATTCCGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC 300  
 20 TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT 360  
 ACCTCGAAGT TGTTCaAATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG 420  
 aTTCtTATGT CCGAAATAT ATGTTTTAGC CanTGtCAAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA 480  
 25 TTCTTTA 487

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30

- (A) LENGTH: 871 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTTCAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA 60  
 40 TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG 120  
 CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT 180  
 TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAG 240  
 45 AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT 300  
 TGAACtTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTtTACAA ATTAAGGAGG 360  
 GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC 420  
 50 TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA 480  
 AaTATGTcGC AAATTTATTC TTTGAAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG 540  
 55 CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA 600

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAAC ATCCCAATTG 720  
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780  
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTTGTGGA GACATTaAAA 840  
 ATTCACGTGT CGCAGTAGTA ATTACCAaAG T 871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60  
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTG ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120  
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTCa 180  
 25 CCATTGGTTG CATTTCTTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTTGTTTG TTTTCAAAAT 240  
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTTGTTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300  
 CTAAAGCCTG TTGTcTATTA TTAGGTGTCA TTTCTtGTCC TTGTTCTCTCA aAAwAGCTTT 360  
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1523 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTT ATAAAATACT TCCTCCATTG AACTATATCT 60  
 45 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120  
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180  
 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240  
 50 AAACATTTCTG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300  
 TAAGTTATCA CTTAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTTGTGA CGCTTGTTCA TCTTCTAATG 360

TTTGTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480  
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540  
 5 AGAAAAATTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600  
 CTAACGCATC GCTGATTAAAG TATAAATCCG AAATGTCTTC ATAAtCTGAA ACGTCTTTCA 660  
 10 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAAATAA 720  
 CATATTCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780  
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTTT 840  
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAAT ATATTCAGTA TCATTGCGTT 900  
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960  
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTGCAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020  
 20 GTTGGCTTTC TTTTAAAG CCATCTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTCTT AGCATTTTAA 1080  
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140  
 TCGTTTCGCG TGATTTATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CwCGCTTTCG 1200  
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260  
 GTTGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320  
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380  
 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440  
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500  
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 4923 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAATAAT CTTACTGCTT TTTTAAATTT AATTTCGAGA 60  
 50 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTAA TGTATATAAT 120  
 CAAAGTCTTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180  
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240

	ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT	360
	TATAACGTGC TTTTPTAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT	420
5	CTAAATCTAA TTTGATTGT AATAGGAAAT TGTATTAAAG TAAATATAAG TCGTTTGTAT	480
	AACGCGACAA TTTGTTTAAT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA	540
	AAAGTATTTT CTTTCTATT C TTTTGGTGAA TATGTTTTTT TGTAATAGGA CGTTCTTCGC	600
10	TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGACTATCTT	660
	GTTTAATATT ATTAAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT	720
	CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTGTTT AAATTTAGGT GGTAGAAAACA	780
15	CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG	840
	CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA	900
20	AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA	960
	CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TTGTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC	1020
	CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTAAA TGAACGATAA ATACTAGGTT	1080
25	GCATTGCAC ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA	1140
	AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAAAAATCC GAGCTCCTAG	1200
	TCTCAAAAAT AATGACGCC CTTTTAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCTG TATTCATTAC	1260
30	TGTTATACAC TTACTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTAAA ATAAATCATA	1320
	CATAATACTG ATAGCGATGT AAAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA	1380
35	ATAAAAACTC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAATGAA	1440
	TCTACTATGT GAGCATTGTC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTTAAAAGTT	1500
	ATTTCAATTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTTAAAGT TTGTTTAATA TCTTCTCTG	1560
40	TATGTTTCA GTTAAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT	1620
	TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTGCGCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT	1680
	AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG	1740
45	TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAATT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTTGGCCTA	1800
	AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG	1860
	CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG	1920
50	CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA	1980
	CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT	2040

55

	AAATTTTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA	2160
	CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT	2220
5	AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TCGACGCTT TCTGGAACAC	2280
	CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT	2340
10	CAGAAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC	2400
	GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT	2460
	CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTT TGCTGAATTC AATTTCTAAT TCAGTCGGTG	2520
15	TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG	2580
	CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA	2640
	CATCATATAA ATATGCACCG TGTCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG	2700
20	CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT	2760
	GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTTAATTT AATATTTTCA	2820
25	TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA	2880
	GGAGAACAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT	2940
	ACATTAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT	3000
30	ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA	3060
	GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA	3120
	TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTAAATTAG CTAAAGAAAT GGCCTATATC	3180
35	AGTTAAAAAA ATCATTGGC AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG	3240
	ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTTAA GGTAAAAACA CAAATAGAAG	3300
	AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA	3360
40	AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTTAGAT TTAAATTTT ATAAAAAAGC	3420
	ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG	3480
45	TATCAATGAG GCATTTTAC GACGTTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTTTGCAAC	3540
	GGGTGTAAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG	3600
	AAAAGGTGTT CAAGCTAAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATTT TAGATGATTA	3660
50	TAAAAAGATG AACTATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAAATAAC	3720
	TGGTAAACGC CTATCAGGAC AAACAGTTTT ATTTTLAGGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG	3780
55	AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTAAATAT GAATTTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA	3840

TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA 3960  
 AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT 4020  
 5 AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTGAC ATGCATATTT 4080  
 AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT 4140  
 AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT 4200  
 10 TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa 4260  
 TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGArATCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC 4320  
 15 AGTTATATTT aTAGTAAGTt AATaATgATT ATATAAGAAa GATGGTgATA TAGATGAGTG 4380  
 TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG 4440  
 GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTTa TTTaATTTCT TCACATACTs 4500  
 20 ATCCAACAsC TGaTGaAATT TATCAAGCAC TTTCACCTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTG 4560  
 CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT 4620  
 ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG 4680  
 25 AACAAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG 4740  
 CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTTAT GGAGTTTGTA 4800  
 AAGAATGCCA AGATAAATAA TTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAATAA AGCGTTACTw 4860  
 30 ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTTAAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT 4920  
 TTT 4923

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 917 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45 TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC 60  
 TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACnTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA 120  
 ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTTGGATAC CyTGcTCATT TAATTCTAAA ATGgTyrGAA 180  
 50 CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTC GTTTCACCGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT 240  
 GTCGATTGGT TTCATTAATT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT 300

55

GCGATCCATT GTTTGTTTCA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420  
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAGTTGG AACATTTTCTG CTCATTGCT 480  
 5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540  
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTTCATT TTTCATTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600  
 10 ACTTTCCTACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAATGAG AACATTTCTC 660  
 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720  
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780  
 15 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840  
 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900  
 CTTTGTAGAAG TATGAAA 917

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 432 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - 25 (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTTATAAT TTGTAAITCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60  
 TTTCAAAATC TCTTTTITTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTATGT 120  
 35 AATGTATTAA ATATTTCCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAGAAA GAACTCCATA 180  
 TATACTCAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240  
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTTT TTTCACITTT AGAAAACITTT TAATACTATA 300  
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaa CTCAATGCgT 360  
 ATATTACAAT ACCTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420  
 ATCTCTTTCT CT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1374 base pairs
  - 50 (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

TTTTGCTTTA TGTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG 60  
 TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCCT 120  
 5 ACTTCTACAT TATTAAAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA 180  
 TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATTGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA 240  
 TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA 300  
 10 ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTCCTCCA AGTATTCGA TTGATAATAT 360  
 CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACCTACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA 420  
 15 TAGCATCAAT CATCGGTTCTG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA 480  
 TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC 540  
 TTTCTGTGGA AGTTCGAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA 600  
 20 ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA 660  
 AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACCTAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT 720  
 TCTTCCAAC TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT 780  
 25 CATTTATCGC ATTCATTAAT GATTTAAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT 840  
 GCGCAGaTAC TAAAATGTAT TGTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT 900  
 GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCAT CGGTGATCCT GTyACAAAGA 960  
 30 TATTGCTTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA 1020  
 GATTACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT 1080  
 35 CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTTAATCGT TTAGCAGATA 1140  
 CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTTAAAG TGCATCTGGT TGTTCGCGTA 1200  
 ATAAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCaTCGT TTCTCCAnGt TACTTCCAAC 1260  
 40 TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA 1320  
 TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTAnAAATAT TGAT 1374

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1472 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

	TTACCTCTAG GCATGTCCCT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTAAAA	120
	TTGTCCTTTT TGAAAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGaTTT CaTCaGTTTG	180
5	TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT	240
	AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCTTC	300
10	AACAATTGCT TGTGGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA	360
	TGAAAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC	420
	CGCTTTTTCA AAActATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA	480
15	CATAGCATGA TTAAATACT TTGCCGCTTC GTAActTAAA TATAACGAGA CATATCTACC	540
	TTGTCGtKgt GCGCTTGtGC AAAGTGTATC ACTTCTCCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA	600
	ACATACTTCT TTATAAATCC CTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTC ATTTTCAGTT	660
20	AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA	720
	TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACTCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA	780
	AACCGGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT	840
25	CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT	900
	GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG	960
30	TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG	1020
	AAATCCTAAA CATAACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA ACACTTCATT	1080
	CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTTGGCTT	1140
35	CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT	1200
	CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC	1260
	TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA	1320
40	GCTAAAACTT TAAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA	1380
	TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCTTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA	1440
45	CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTGTTG GG	1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1054 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAAC AGAACAAATT 60  
 ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAAGACAA GGGCAACTGA 120  
 5 GCGCAAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT 180  
 CTCAATTGAA GAAAAAGCAC AACAATTTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC 240  
 TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC 300  
 10 AAAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC 360  
 TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT 420  
 15 TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA 480  
 GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA 540  
 TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT 600  
 20 CCCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT 660  
 AGATGTTTTT AGTGAAAAC TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA 720  
 AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT 780  
 25 CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC 840  
 AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG 900  
 CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA 960  
 30 GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA 1020  
 AATTGCTAGA GATGAATTC CTGATTTTCA AGTG 1054

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1057 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

45 AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG 60  
 AAATTTCTAA AAAAAGTGGG GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC 120  
 GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG 180  
 50 TTTTGTAATT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA 240  
 TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAT ACAAAAATAG TAGATTCCAA 300

55

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAATGGAT CGTCTTGAAA 420  
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTCAT GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCATTAAA 480  
 5 TTGTTATAGC TTTTATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540  
 GAAATAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600  
 10 ATTGAATGGA CATTGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660  
 ATAATACTTG CTTCACTACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTCG 720  
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780  
 15 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TGCATCATGA GGCGCTTGAA CATTATTTGA 840  
 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900  
 ATTCAATTTT TATAAAAAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960  
 20 GATGACAGG tTATAATATA TGraTATATa CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020  
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3754 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

35 CTGTGCTGTA TTTACTTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG nTGAGTTAT 60  
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120  
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180  
 40 GATGATTAAG ATTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAAATTGAG 240  
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300  
 GTTGTATATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTCTCTTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360  
 45 ATTATTGTAA AACAATAGTT TTAATTTnAT TTTCTGATaT ATCATATGTr ATTcTACCTG 420  
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480  
 50 CTTTCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540  
 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600  
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTCGTTT CAATATATTT ACCATTCACA TAAGATTTAC 660

	AAACTGGAAT ATCAATAAAT TCTTTTTTTAG TCATCTTTTC ACTTTCATTA GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT TGGTAATAAAA GATGAATTAT TTTTCTTATT ATTATATTCA TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG CTTTTGCTTA ACATTATTCA ATTTTCATCGT CATTTTACCA TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT TTCTTTTTTA GCTTTTTTGA GAAAGGATGC TATTTTGTA TTTATTTAAT	960
10	AATCTAATAC TTTTATCTC AGTTTCATCA AACGAATAAA CAGCAAAATC AGTCTGTATA	1020
	TCTACAACAA GATTTCCTGT TFCGCTCTCG AATTCATTTT CATAGTCAGT TACAAACCCT	1080
	TCGTATTCTT CATTATTCAA AAGCGTGATA ATAACATCTT TACGATATGC ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT TTCACCTACT TATCAATATA AGGTACTATA TGaGcACCTG GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT cCCTTTCTGG TTTCAATATA CACATTTTCG ATATGTATTT TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA TTAATAATCT CTTTCAAATC AAATCGCTCA TCACTTAATA TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT TTTTCTCTTA ACAATTCATT CAATAAATCT ATAGAAAGTA TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTTT TATTATTTA AAATGGCTCT TTTTTTATTT TCATTATATA GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT CTATTTTATT TTCCGCAATT TATTTCTATT TTTATTTTAC CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC ATCTGGTTTT TAGCTTTTTc CTGtAATTAT GCTTCTTTTA CTTCTACTTG	1560
	ATATTTACct TCACGCTCTT TAAAGAACTT GTCCCGCCAA TTGCCAACAT GTGGCACTGT	1620
30	GGTACTTCTA CACCAAGGAT GCATAGGTGG CGCATTCA CA CCTGGTATCA TATCTTTAAC	1680
	TTTAAATATT TTTCCGTTAA GTGAATGACA TAATTTAGAT GTTTTACTAT CTATTTTGGC	1740
	AACATATTTA TATTCGCCAT CTTACCAAG TTCTTTTAAA TATGTAACT TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA GTAAATAGTT AAAAAAGCGT ATAAAAATAG CACCACTTTC TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG ATGCTATTTA TCTTTTGAAT TTGAATTCCT TTTGCTTTT TCTATACTTT	1920
	CAAATTCCTC AACTAATCT TTAAGAGATT CACTCAATTC TTTTGCAGTT ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA ATCTAACATA ATTAAAATCA TCTCACTTTA TATTTAATCa TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT TTCAATAATT TTTCAATATG GCTATCATTA ATGATATTAA TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA CAAAATTTAC TCACTATTTT ACCATGAAAC CTATTTGACT TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT CCCTTATTAG TAACGATTGT CATTGATTTT ATTGATGGAT GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA TCATATTCTG AAAATCCTGA CTGTCCAGGA TGGTTATGTA ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT TTAAGTTTAA ATAATAATTC GGTTGCTTGT TACCTGGCA CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA TTGACATATA CTTTGTGAAA TTTACCATCT TTTAACAAAT AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA TTGTTTTCCA TGAGATATAC CTCCGTTTAT AGtCTGTCGA CTGATATTCC	2460

55

GAAGGTAAAA ATTTTAAAG TAACTTTCT TTATCCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580  
 AAATAGCCCT TTAGTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640  
 5 TCTTGTATTT tTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700  
 CATTTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAAATATT TATATGTAAC 2760  
 ACTTTTATCA TTAATTTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTTCCACC TCTAATTAAT 2820  
 10 TAAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAATT 2880  
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940  
 15 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAACGTTG CCAACTTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000  
 AAATTGTTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060  
 TTGAATTAAA TTTTATTTA TATTAgTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120  
 20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCCCTT TGATACCGTA 3180  
 TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240  
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300  
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360  
 TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATTT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420  
 TTTATATTCG CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAATATGT TAACTTTTGT GACTCtTCyT 3480  
 30 TTTCAACGAA TAATGAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540  
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600  
 35 AGTCTCTTAC TACAGAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660  
 TTTCAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720  
 TACCGTTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTC 3754

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 815 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60  
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTTCAG 120

55

CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAAACAA ACAAACCATA 240  
 CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG 300  
 5 GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTTG TTGCAACTAC 360  
 AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA 420  
 TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT 480  
 10 TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA 540  
 ATAAAGCGAT TGTCAATTGTG TTACATGATA TTAACTTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA 600  
 TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA 660  
 15 GTAGTGT TTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA 720  
 GGATTGT TTTT ATATTTTAAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA 780  
 20 ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT 815

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 919 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT 60  
 35 CTCGATAmGT TGATTAATAT TTTAAAATAA GCGATACACA CTAATAAAAT TGTATTATTA 120  
 TTATGTTnAA TTGACnCTC CTAAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGT TTTATT 180  
 TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG 240  
 40 CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT 300  
 AAATAGTATT ATTCACTAGT TTAAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT 360  
 TATTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATT CATAATAAAGG TTTAAAGCAT 420  
 45 GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA 480  
 GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA 540  
 GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA 600  
 50 CTTTTAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAT 660  
 GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT 720

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840  
 GCAGAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTGCG TTAAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900  
 5 AAATTTGGAT TTCATAAGG 919

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60  
 20 CCCGTATTGT TTTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120  
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATT ACATATGACC ATAAAAATTT 180  
 ACTAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCTT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240  
 25 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300  
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360  
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGATTCTA ATGCTAAAAG 420  
 30 TTTAAACAAT GCCTTGCAAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480  
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCAAT 518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60  
 45 TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120  
 AAACAAATTA TGATGTTGTA TTTACTAGTG GTGCacTGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180  
 50 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240  
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300

CAAAGTCGGT TTAGTAACAT GSTATGTATGT AAATAATGTA ACTGGACAAA TACAGCCTAT 420  
TCCACAAATG GCTAAAGTTA TAAAAAATTA TCCTAAGGCA CATTTCATG TAGATGCGGT 480  
5 TCAAGCATTG GGCAAAATTT CAATGGATCT CAATAACATA GATAGTATTA GTTTAAGTGG 540  
ACACAAGTTT AATGGTTTAA AAGGACAAGG CGTCTTACTT GTAAATCACA TTCAAAATGT 600  
TGAACCAACT GTCCATGGTG GTGGTCAAGA ATATGGTGTT AGAAGTGGAA CAGTTAATTT 660  
10 GCCAAATGAT ATTGCAATGG TTAAAGCGAT GAAGATAGCT AATGAAAAT TTGAAGCATT 720  
GAATGCATTT GTTACTGAGT TAAATAATGA CGTCCGTCAA TTTTAAATA AATATCATGG 780  
15 AGTTTATATT AATTCCTCAA CTTCAGGTTC ACCATTCGTT TTAAATATTA GTTTTCCTGG 840  
CGTAAAAGGT GAAGTATTAG TTAATGCTTT TTCAAATAT GACATTATGA TATCTACGAC 900  
AAGTGCTTGT TCATCTAAAC GTAATAAATT AAATGAAGTA TTGGCTGCAA TGGGATTATC 960  
20 AGACAAATCT ATTGAAGGTA GTATAAGATT ATCATTGGG GCTACTACAA CTAAAGAAGA 1020  
TATAGCGAGG TTAAAGAAA TATTTATCAT CATTATGAG GAAATTAAGG AGTTGCTAAA 1080  
ATAATGAAGT ATGATCACTT GCTTGTTAGA TACGGGGAGT TAACATTAAA GGGTTCAAAT 1140  
25 AGAAAGAAAT TTGTAAATCA ATTAAGAAAT AATGTAAATA AGTCaTTAAA AGGACTTGAT 1200  
GGGTTTGTCTG TTAAAGGCaA ACGAGATCGT ATGTATATTG AACTTGAAGA CCATGCaGAT 1260  
ATAAATGAAA TAACATATCG ATTATCAAAA ATTTTCGGTA TTAAATCTAT TAGTCCAGTA 1320  
30 TTAAAGTAG AAAAAACAAT AGAGGCAATA AGTGCAGCGG CAATTAAATT gCGCAGaATT 1380  
TGAAGaAAAC AGCACATTTA AAATTGATGT GAAGCGTGCC CGATTAAAAT TTCCCCAATG 1440  
35 GATACGGTAT GGAATTACAG CGTGGAATTG GGGTGGTGCC AGTATTGGAG CACTTCGCCA 1500  
TATTTCCAGT GGATGTCCAA CGTCCCAGnC CCAGGAATT 1539

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 563:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 968 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear  
45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 563:

50 ATAnCGTATA CATGTGTTCT TTAAAAATTGT GATAAGGAGT TTAGGATGGT TTATTTAAAA 60  
TCAATAGATG CCATTGGATT TAAGTCTTTT GCAGATCAAA CCAATGTTCA ATTCGATAAA 120  
GGTGTAAC TG CAATTGTTGG TCCAAATGGA AGCGGTAAAA GTAATATTAC AGATGCTATT 180

55

ATCTTCTCAG GTGCAGAACA TCGCAAAGCT CAAAATTATG CTGAAGTACA GTTAAGATTA 300  
 GATAATCATT CTAAAAAGCT CAGTGTGTGAT GAAAACGAAG TTATTGTAAC AAGAAGATTG 360  
 5 TATCGAAGTG GTGAAAGTGA GTACTACATA AATAATGACC GTGCAAGATT AAAAGATATT 420  
 GCCGATTTAT TTTTAGATTG TGGATTGGGA AAAGAAGCGT ATAGCATTaT CTCGCAAGGT 480  
 AGAGTTGATG AAATACTAAA TGCTAAACCA ATTGATAGAC GTCAAATTAT TGAAGAATCG 540  
 10 GCTGGTGTAC TTAAATATAA AAAACGTAAG GCTGAATCAT TAAATAAACT TGACCAAACA 600  
 GAAGATAATT TAACGAGAGT AGAAGACATT TTATATGATT TGGAAGGTCG CGTAGAACCT 660  
 CTAAAAGAGG AGGCAGCTAT AGCTAAAGAA TATAAGACAC TTTCACATCA AATGAAACAT 720  
 15 AGTGACATTG TAGTTACAGT sCACGATATT GATCAATATA CAAATGACAA TAGACAATTA 780  
 GATCAACGTT TAAATGATTT ACAAGGCCAA CAAGCAAATA AAGAAGCTGA CAAGCAACGT 840  
 20 TTAAGCCAAC AAATTCAACA ATATAAAGGT AAACGTCATC AACTTGATAA TGATGTTGAA 900  
 TCgCTTAATT ATCAATTAGT AAAAGCTACG GAAGCCTTTG AAAAAATATAC GGGACAATTA 960  
 AATGTTTT 968

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 564:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 436 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 564:

TTGTGTGTAT GCATTCAATG TGCTCTGTTT GTAAATGGCT AGCTATATAA TTTAgGATTC 60  
 GAGGATCGTC ATCGACAACA AGACATTGCA CCATAGCTAT AACTCCCTT ATCTTTTTTCA 120  
 40 TTTATTATAC ATGTAAATA TTTTTCGTA AAAAAACAAT TGTTTCATATT GAGTTCATAT 180  
 TTCAACCTTA TACTGACGCT AAAGAAGAAA TAGGGAGAAG TGAATCGATA TGAAATTAGC 240  
 GATAAAAGAG ATTATGTTTT ACAAATTTTCG TTATATTTTA ATCACATTAA TCATTCTTTT 300  
 45 ATTAAGTATT ATGGTGTTAT TTATTAGTGG TTTAGCTCAn GGGCTTGGTA GGGaGAATAT 360  
 TTCGTwATTT GAACACTTTG GATAATGATG aaTATGtTGT TCaAAAAATG AAAGAGCCGC 420  
 aAATTGaGAA ATCGCA 436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 565:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2554 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 565:

	ATGTTTTGTC AATATCAATT GTTTGAGATA AATCCGCTTG TATAAACGA ACTTTATCAT	60
10	CATTAAATTT GCTAGTTAAT TCATTTATAT CAGTACGATA ATATTGCACA TAACTTCAA	120
	ATCCATCAGT TAATAATTGT TTGACTATCT CAGAACCAAT TGAACCAGAA CCACCTAATA	180
	CTAATGCTTT CATTACTTTT TAATCTCCAA ACGACTATCG ACTTGCTGAT CTAAATTTAA	240
15	ATATAACGAT GACGTTTCGT TAATACTATC TAACGTGATA TTTTCAACAA TGTCTAACAT	300
	GTCAAACACG CTAACACCTT CAAAATACAA TTTAGTATAT TGATTAGCAA TATATTCAGG	360
	TGAGTTTAAA CTTGATATGA ATTACACCTAT AAATTGCTTT TTCAAAAGTT CAAATGCTTC	420
20	TGCATCTTGG AAAtGCCTT TTTTATCAGC CAACTCATCT AATAATAATT TTTTAAATTT	480
	ATCTGGTTCT TCAGTAGCAC TTGTCACGAT TGAAAACTA TACGTCGGCT CTAGTACAAA	540
	TTGATAACCA AATGTATCAT CGATAAGTCC TTCGTTAAT AAATTCTGAT AAAATCTGT	600
25	TTCTTCCCCA AAAATTAAct CAAAGAATAA TGACATTTCT AAATCACGTT GTACATATTT	660
	TTGAGGCGCT TCTTGTAATG GTTTATTTTT AAAACCAAGC ATTAGTCTTG GTGATTGAAT	720
30	TTTCATAGAT TCAGTAACAA ATGCTTCTTT AACATCCTCC GGTTCACTAA CAAGTCCTCG	780
	TTCGATTTTG GGTGGTTAA CTTTATTACG AGCATCCTCG TGTTGTTTTA CTATTCgACA	840
	TATTGCTTCA GGATCCACAT CGCCAACAAC AAATAAAACC ATATTTGATG GATGATAAAA	900
35	CGTTTCATAA CATAGATACA AATCATCTTT TGTAATATCG TATATACTTT CTACACTACC	960
	GGCAATATCA ACACGTATTG GATGTTGTTG ATACATTGCA CGCAAtGTAT TaAACATTAA	1020
	TTTATATCCA GGTGCTCTT GaTACATTTT TATTTCTTCT GCAATAATAC CTTTTTCTTT	1080
40	ATCAACAGTT TCTTTTGTA AATAAGGCGT TTCaACCATT GTAAGTAAAC GTTTAATGTT	1140
	GTTTTCAATA TtATCAGTTG CACTGAACAA GTAGCTTGTA CGATCAAAGC TTGtAAACGC	1200
45	ATTTGCTTGT GCGTTATCTT CAGCAAACGC AGTAAATAAG cTTCTTCTTC TTTTCAAAT	1260
	AATTTATGTT CcTAAAAAGT GAGCAACTCC ATCAGGTACA GTAACAAATT GGTCTTGTCC	1320
	AAGGGGTTTG AATTGATTAT CTAATGAACC AAATTGTGTA GTGTAAGTGA CAAATGTCTT	1380
50	TTGAAAACCT GGTTkGGGGA TAATAAATAA TCGTAAACCA TTTTCTAATt CTTGTTCGAA	1440
	tACTCTTTTCG TCTATTAATT CATAATAACG CTCTTTCATT ATTTATCCCC TCCTTTTGTC	1500
	AACACATAGA TtGTATCTAA AAATGCTTTT TCAGCAACAG AAACAATATC TTCGCGACTT	1560

55

TTATGCATAA TCTCTATAAT ACTTTTCGGA CGATCTTCAG ATTCATATCG ATGAGAAATG 1680  
 ATTACTTTTT TAGCTAACTC TAATTTTTCT TCAGTGAAAT CTCCTGCTTT TATTTTTTCA 1740  
 5 AATTCACCTA TAATAGTGTC TTTTGCAGTT TCGTACTTAT CACTTGAAAC CCCACTCAAA 1800  
 ACAAATAAAT AGCCATTTTT GCCATCAATT TGTGAATGTA TAGAGTACGC TAAACTTTGC 1860  
 10 TTTTCTCGCA CTTCATTAAA TAAACAGAT GAAGGATCTC CTCCAAACAT CATGTTAAAT 1920  
 ACAACAAAGG CAGCATATCC ACTTTGTCCA TATTGTGTG GAAAACGGTA TCCCATATTT 1980  
 AATTTAGCTT GATCCACGTC ATCATATTCA ACAATATAAT CAACTTCTTC ATCGTGTAAT 2040  
 15 TGATGAGTAG AATGTTGGAA TTGATGTTTA TCGAATGGTT TAAGTGCAA TTTTTCACGT 2100  
 ATTTGTTTCT CAACACTTTC AGGTTCTACA TTGCCGACAA CATAAACAGA ACATTGATCA 2160  
 TTATTAATCA TTGATTGATA TGTATGATAT AGTGTTCAG CAGTAATATG TGGGATTTGT 2220  
 20 TCTAGTTGTC CTGTAGATA GTATTTATAT GCTTCATTTT CAAACATATG GTCGAGTAAT 2280  
 TTTAAAAACG AATATTGTGC TTTATTATCT ACCATTGCTT CTATTTTTTT GGCTAATAAT 2340  
 GTTTTCTCTT GGTAAACAAA ATTATCATTG AATGCTTTAT TTTCAATTAA TGGATTCCAA 2400  
 25 ATGATTTCTT GtAATAAATC TAATCCTTGa TTAAATAATG AwTCACCGkT TCyTAAATAA 2460  
 CGkkCaTTAA caATTyCTAA tGaAAATGtA ATgACaTGCT GaTCTTTGAA TTTTGAAATT 2520  
 30 GTACTATTCA CATACGCACC ATATAAATCG GCTA 2554

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 566:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1424 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 566:

TnTCGCTATT TTnAATTGGT TTTGTATGGT TTAAGTTATA TCAATATACA ACAnACCCTA 60  
 45 AAGCTGATAT CCCAGGTATC ATTTTtagTA CGATTGGTTT TGGTGCTTTG TTATATGGTT 120  
 TCTCAGAAGC TGGCAACAAA GGTTGGGGTT CAGTAGAGAT AGAAACAATG TTTGCGATTG 180  
 GTATTATCTT TATTATTCTA TTCGTTATTA GAGAATTAAG AATGAAATCA CCAATGTTGA 240  
 50 ATTTAGAAGT ATTGAAATTC CCaACATTTA CATTAAACAAC AATTATTAAT ATGGTTGTAA 300  
 TGTTAAGTTT ATATGGTGGT ATGATTTTAT TACCGATTTA TTTACAAAAT TTACGCGGAT 360  
 55 TcTCAGCATT AGATTCCGGA TTGTTATTAT TACCTGGTTC TCTAATTATG GGTCTACTAG 420

TTGCTGTAAT GACTTATGCA ACATGGGAAT TAACTAAATT AAATATGGAT ACACCATATA 540  
 TGACAATCAT GGGTATCTAT GTACTTCGTT CATTGGGTAT GGCATTTATA ATGATGCCAA 600  
 5 TGGTAACTGC AGCTATTAAT GCGTTACCGG GACGACTTGC CTCTCATGGT AATGCTTTCT 660  
 TAAATACGAT GCGTCAATTA GCAGGCTCTA TAGGTACAGC AATCTTAGTT ACTGTAATGA 720  
 CAACACAAAC TACACAACAC TTATCAGCTT TTGGGGAAGA GTTAGATAAA ACGAATCCTG 780  
 10 TTGTACAAGA TCATATGCGT GAATTAGCAT CACAATATGG CGGACAAGAA GGCGCAATGA 840  
 AAGTGTTACT ACAATTTGTA AATAAACTAG CAACGGTTGA AGGTATTAAT GATGCATTTA 900  
 15 TAGTTGCAAC GATATTTAGC ATCATCGCCT TAATTTTATG TTTATTTTTA CAAAGTAATA 960  
 AAAAAGCAAA AGCTACAGCT CAAAAGTTAG ATGCAGATAA TAGTATCAAT CATGAATAAA 1020  
 TAAAATAAAT TAATTGAAGT GTGACTAATC AAAAATTATG TTGTGGGGAC ATGATTTTTA 1080  
 20 AAGTATCGGT GCCAAATATG GTTATCGATA CTTTTTTTAT TTGTTGATTT ATAGAATGTT 1140  
 AGAGGAATTA TATTAAAATT TGGCATTGAC GTAGTAGGTC ATTAATAAAG AAAAAGCAGG 1200  
 AAGTGGGTCA ACGAAATGAA TTTTGTGAAA ATAACATTTT TGTCCCAATC CCTACTATAT 1260  
 25 AACATTATTT TAAACGAGGC ATGCGATTAC GGAAGAATAA GCTTATAACA AGTAAACCGA 1320  
 TGCTACAGCC AAGTAAAATG ATGCCGTTAT GAATAGCGTC ACTTgCTGTA ATCACTTGAT 1380  
 30 CTGGTGGTAC ATTTAAATAA TATTTTTTGA AAACATCTGC AATT 1424

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 567:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 676 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 567:

TCTCCCATGT TCTGCTAAAT GACGCATCAC TTTTACTTCA TGAGGCGTCA ATACACGTCC 60  
 45 TTCACCAGCA TTCAAACCGA CAACATTTAA AGGCCCATAT TCAATACGAG ACAGTTTCGT 120  
 CACTTGATGA CCAAATGTT CGAACATTCT TCTGACTTGG CGATTACGAC CTTCTGTAAT 180  
 TGTAATTTCA ACCAATGTTG TGTTTTTATC TTTATCTTGT TTCTTAACTT TCACTTCAGC 240  
 50 CGGTTGCGTC ATACCATCTT CTAATTCAAT ACCTTTTCT AGCGCTTTCA CTTCTTCTCT 300  
 CATTAAATAA CCTTTTAATT TCGCAACATA TTTTCTTCTA ATTTGATATC TTGGATGTGT 360  
 CATTAAATTA GTAAATTCAC CATCATTTGT GAGTAATAAC AATCCAGAAG TATCATAGTC 420  
 55

ACGTCCTCTA TCATCAGATA CACTTGTKAT CACTTGAGTT GGkTTATGGA AkAAAAATGKA 540  
 AAtTTTGTCT TCTAGTTCTA TTTAATACC TTCAACTTCA ATCGTATCTG ATGGCTTCAC 600  
 5 TTTTGTTCCT AATTCAGTGA CAGTCGTACC ATTCACITTC ACTTTTCCTT CAGAAATTAA 660  
 AGTTTCTGCC TTACGT 676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 568:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 454 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 568:

20 GAAACGGTTC TACCAAAAAA CAGTAAGGGC TAAACCCAAT CATGGTAAGA CAAAAAGTAC 60  
 AAATAGCCAT GCCCAAGTTG AACTCGCTGT ACGCCTATTT CTTTCTAAAA AGATAATAAT 120  
 AAAAGCCAAT ACTAAATTAA TGATGAATCC AATGGCTAAA ATAATAGTAA ATAACGTTCC 180  
 25 TAAATCGTTT GAAAATGTAA ATCGCATAGT CTTTCTCCTT ATAAAGAAAG GCACAAAAAA 240  
 ACATTTTGCA CCTTTCACGT CATATTATTT ATTCACAGAT AAAGTTAAAA TTGcATTGAA 300  
 TTCTTCTTCA TTATTTGGGA ATGTTCTTTC TTCTATTTCT TTAATAGTAA TATTTACTAA 360  
 TTTTAAATTT GTAGCTTCTT CAGAACTTAA AAAAGCATTAA ATGTTTTTTT CTAATAACTC 420  
 KAAAGTCTCA GCTGtAAAaG TTTTAAGTTT AATT 454

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 569:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 894 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 569:

45 ACGATATTAC CACCCTCTGA AATAACATCA ATCATGTGAT CTGTAAAGTC CCAAGGATGA 60  
 CTTGTTGTGA AACGAACTCT TGGAATCGCT ATTTTAGAAA TTGCTTGTA AAGATCTCCT 120  
 50 AAGTCATATT CTATATCCTG TAAATCTTTA CCATAAGAAT TTACATTTTG ACCTAAAAGC 180  
 GTTATTTCTT TGTAACCTTC ACGAGCAAGT TCACGTACTT CATCTATAAT GTCTTCAGGT 240  
 CTACGGCTTC GTTCTTTACC TCTTGTAAT GGAACAATAC AATATGTACA AAACCTTATCA 300

TCAATAACGT CTCCTTCTTT AGACCATACT TCAACAACCA TTGCTTTAGA TAAGTATGCT 420  
 TCTTCTAAAA TTTCTGGTAA ATGATGAATA TTATGTGTAC CAAATATCAT ATCTACATTT 480  
 5 TGATACGATT TTAAAATTTT ATTCACTACT GACTCTTCTT GTGACATACA ACCACAAACA 540  
 CCGATTAAAA TATCAGGTCG TTCTTTTTTC AAATrCTTCA AATTACCTAT TTCCTAAAC 600  
 ACTTTGTTCT CGGCATTTTC TCTAATCGCA CATGTATTAA TTAAAATAAC ATCTGCAGTG 660  
 10 TTAATATCAG TCGTkgCTTG aTAGCCTAAT GCyTcmAGTA TACCAGCAAT GACCTCAGTG 720  
 TCATGTGCAT TCATTTGACA TCCATATGTT TTAATTAAAA ATGTACGCTC GTTCCCCATA 780  
 15 CCGCGATATT TTyCATCAAT TtGGgAAATC nCTATTATAA CGAACTTCTk GTtTACCnCC 840  
 TTTTTTnCGC TCCTTTAAAA TTAAGGCGGC TGATAAACAG GTCCAAAATA TTAC 894

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 570:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 441 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 570:

TATCAATCCC ACAGCACATG CTGAACAAGA TCAACATGG GAGAAGATTA AAGAACGCGG 60  
 TGAACCTAGA GTGGGTCTTT CTGCAGATTA TGCACCAATG GAATTTGAGC ATACAGTTAA 120  
 TGTAAGACT GAGTATGCAG GTGTAGATAT TGATTTAGCT AAAAAAATTG CGAAAGATAA 180  
 35 TAATTTAAAA TTAAAAATCG TCAATATGTC ATTTGATAGT TTGTTAGGAG CTCTTAAAC 240  
 TGGAAAAATT GATATTATTA TTTCCGGAAT GACTTCAACG CCTGAACGTA AGAAGCAAGT 300  
 TGATTTTTCA GATTCATATA TGATGACTAA AAATATCATG CTTGTAAAGA AAGATAAAGT 360  
 40 TAATGAATAT AAAGATATcm AAGACTTTAA TAATAAAanA GTnGGGGCAC AAAGGGACTG 420  
 AACCAGAAAA AATCGCTCAA C 441

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 571:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1205 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 571:

AAGTCGTTCA TCTTTTCTA CAAGGGTGTA AAAATAATCA ATCATATCGT ATAACGCTTC 120  
 TTTACCAATG ATGTCATATG GTGTTGTTGT CATTTAATCA CCCATTTTCA AAAATTTACT 180  
 5 GTTACGAACT TAAGTTAATA TATAACTAAT ATAACATGAT TTAAACATT TGAAAGAAAT 240  
 ATGCATATTT GCCAATTTAA TTTATATTGT TTGAAAGTGT TTCTTTTTTC TTGAAAAAAC 300  
 10 GTTGAACTTT ATTTAAAGGT tGATGATGTT CGAGGTTTAG TTCGTTtAAT AAAGATtGGA 360  
 ACTTTTGTAAC ACCTTGATTA TAGTCTTTAA CTTCGAACTC TAACTCATAA TCCGTAGTAT 420  
 CGAAATACTC ACTTTTATCT AAAACCAGTA AATCACCTTT ATATTTAGTT TCTTGGCGAT 480  
 15 ATGTCGTTAA TGCACCAAGT ATTGATAAAG TTGTATCTTT TACACCAAAC TGTTCAACTA 540  
 TAATTTGACG AATGTCATCT GGAAGATTGT CGTTTGAAAT AATCAAGTTC ATCTCTGGTT 600  
 TAATGTCGAC GATATAGTTG TATTCTAATA GACCAACCTT TGCTGGTGTC TTTAAAGTCA 660  
 20 TTTTCATATTG ATTGTCTTTA ACTCTTATGC GTAGTGCAGA GCGATGTTCC TTTAATTTGA 720  
 AATCGGGTGT ATCAATATAG TAATTGACTT GCTTAmAAAG CACACTGTCT TTAAAATATT 780  
 TCTCTTGCAA TTTATTATAG ATTGAtGCAG TTATCATTTG TtTAAATTCT ATtTCATGAT 840  
 25 TTGTTGCCAT GATATGTATA CACCTCGTAT CAAATTCAAT TTATCTTAAC TATATTATGA 900  
 ATGACAAAGT TGAATTTTAA AAGTAATTTT CTTTATCTAT TATCAATGTT AATTTGACCA 960  
 30 TTAAAAATAG TGTTGTAAG TGTTTGTAT TATTGaATTG TGTTAAATG TTATGGAATA 1020  
 AGAGGAGGAT TAAGCATGsG TTTWTATATT AATGAAATTA AAATTAAAGA TGACATACTT 1080  
 TATTGTTATA CAGAAGATTC TATTAAAGGA TTATCTGAAG TAGGACAAAT GCTCGTTGAT 1140  
 35 AGTGATAATT ATGCCTTTGC GTATACATTA GATGATGGTA AAGCGTATGC TTATCTCATT 1200  
 TTCGT 1205

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 572:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 570 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 572:

50 TGAAGAAATA GCAATGATGA AATGCCGTAT GTTATATGAG ACGGGGTCAT TTCTGAATT 60  
 AAGAGAAGAA ACAATTGTCT TATTGAAAAC TGGCATACAA CAATATGATG CATTGATGAT 120  
 55 TTATTACGTG AAAAGTTTGA TTGGTTTGGG ACAATATTTT GAAGCGGTAG AAGTAATTCA 180

ATTTGCTAAG TCAAAATTAA TTGAAGATGA AAAACGATTG ACTCAGTCAT TAGCTGATTT 300  
 TGTACGTTA TCAATGAGGG AACAGACGCA CTTGATTTTG AAGTTAATAG ACAATGGTCA 360  
 5 TTTTCAATTT CAAGAAACGG TATTATATAT ATkAAaAyCT AATaCGTACa GTtATAACCT 420  
 CATTAGTTTA ATGATTGAGT ATTTAAGGTT CGCAAATTGT ACACAAGAAC TGACAATTGA 480  
 AAAGTATGGT ATGGATGTAA CTTTTGTACC AGCTAATTTA AAAGGGCTAG AACATACAAC 540  
 10 ACTTAAAGAA AAAGTTATAC CTAACGTTAT 570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 573:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 939 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 573:

GTTGAATGGT TAGCAGCTGC AGTTGTATTA TATTTCTGTG GTGTAATTGT TGACGCTCAT 60  
 25 GTATCATTCA TGTCCTTTAT TGCAATATTT ATCATTGCTG CATTATCAGG TTTAGTCAGC 120  
 TTTATTCCCTG GTGGTTTCGG CGCTTTCGAT TTAGTTGTAT TACTAGGATT TAAAACTTTA 180  
 30 GGTGTCCCTG AGGAAAAAGT ATTATTAATG CTACTTCTAT ATCGTTTTCG GTACTATTTT 240  
 GTACCGGTAA TTATTGCATT AATTTTATCA TCATTTGAAT TTGGTACATC AGCTAAGAAG 300  
 TACATTGAGG GATCTAAATA CTTTATTCCT GCTAAAGATG TTACGTCATT TTTAATGTCT 360  
 35 TATCAAAAGG ATATTATTGC TAAAATTCCA TCATTATCAT TAGCAATTTT AGTATTCTTT 420  
 ACAAGTATGA TCTTTTTTGT AAATAACTTA ACGATTGtKt ACGATGCTTT tATATGATGG 480  
 AAATCACTTA ACGTATTATA TTCTATtGGC AATTCATACT AGTGCTTGTT TATTACTTTT 540  
 40 ACTGAATGTA GTTGGTATTT ATAAGCAAAG TAGACGTGCC ATTATCTTTG CTATGATTTT 600  
 AATTTTATTA ATCACAGTGG CGACATTCTT CACTTACGCT TCATATATTT TAATAACATG 660  
 45 GTTAGCTATT ATTTTTGTTC TGCTTATTGT AGCTTTCCGT AGAGCGAATA GGTTGAAACG 720  
 CCCAGTAAGA ATGAGAAATA TAGTTGCAAT GCTTTTATTC AGTTTATTTA TTTTATATGT 780  
 TAACCATATA TTTaTTGCTG GAACGTTATA TGCATTAGAT ATTTATACGA TTGAAATGCA 840  
 50 TACATCTGTA TTGCGCTATT ACTTCTGGCT TACGATTTTA ATCATCGCTA TCATCATAGG 900  
 TATGATTGCA TGGTTGTTTG ATTATCAATT TAGCAAAGT 939

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 574:

(A) LENGTH: 1059 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 574:

10	GAATTAATTA AATATTACAC ACAGCCTCAT TTTTCATTTT CAAATAAATG GCTATATCAA	60
	TATGATAATG GAAACATTTA TGTGAACTT AnGAGATATT CATGGTCAGC ACATATATCT	120
	TTATGGGGCG CTGAAaGTYG GGGAAATATT AATCAGTTAA AAGATCGTTA CGTAGATGTG	180
15	TTTGGACTAA AAGACAAAGA TACTGATCAG TTATGGTGGT CTTATAGAGA GACATTTACA	240
	GGTGGCGTTA CACCAGCCGC AAAACCTTCT GATAAACTT ATAATCTTTT TGTGCAATAC	300
	AAAGATAAAC TACAAACGAT TATTGGTGCG CATAAAATAT ACCAAGGCAA TAAACCAGTA	360
20	TTAACATTGA AAGAAATCGA TTTCCGTGCA CGAGAAGCGT TAATAAAAAA TAAATATTA	420
	TATAACGAAA ATCGTAATAA AGGTAAGCTT AAGATCACCG GTGGCGGTAA TAACTACACT	480
25	ATTGATTTAA GCAAAAGATT ACATTCAGAT CTAGCAAATG TTTATGTTAA AAATCCTAAT	540
	AAAATAACTG TTGACGTCCT CTTTGATTAG TATATGAAGG TGACTTATAC TTCATGCACT	600
	TTAATTCCAA ATCAGATTAT TTAAATGATA ATTTTAAAG TGTATGATGT ATATAATAGG	660
30	TAAAATTTTC TATATATTTA AATGGAATTG GGAGTAGGAA TGTGACAGAA ATAGTATTTT	720
	ATAAAATTTA TTCtTGTCAC TCCCCAACTT GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTCCGCCAG	780
	CTTCTATGTT GGGGCCCCGC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA aTTTCTTTTT GAAATTCTCT	840
35	ATGTTGGGGC CCCGCCTATA ATTGAAAAAT GCTTGTTACA TGGGCATTTT CATTCGGTCA	900
	ACTACTACCA ATATAATATT GtAGaGCCTA AGACATTGAT TTATTATGTC TTAGGCTCTA	960
40	TTCCTTCATT TAATGATTAA nTTATTATAG CAATACTTTA TTGTCCCATG ATTAGTGTTT	1020
	TTTTAATGAG ACATAGTAAC TATAAAGTTT AATAATCGT	1059

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 575:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 575:

55	GTTTGCTTTA GGTCTGTTT CATATTTATA CTTGGAAGGA TTTACCTTTT TGaAGTCTGG	60
----	--	----

TTCAACTkGC TTTTATTCT TTTTCGAAATC AGCTGGTTGA GTAGTTATGA GTTCATTATT 180  
 TTTATTAGmA TAAATCTTAC CATTAACATA TTTATAATCT TTTGTTATAA AGTCACCATT 240  
 5 TCTGAATGGA ACTACTTGAT TATGACCTTT AGAGAATAAA TCAGTACCGA ACATTAAATA 300  
 GTTCTTCGTA TCTATACCAG CCAAATGTAA AATTGTTGGC ATTACATCGA CTTGACCAGC 360  
 ATATTCATTA TTGATACCAC CAGATTTACC AGGGATTTTA ATCCAGAAAC CAGTTCTGTT 420  
 10 TAAATCTGTA AATTTAGCCG GTGTGATTTT TTCACCTAAT AGTTTTTCCA TGGCATTGTT 480  
 ATGGTTTTCA GAGATACCAT AGTGGTCACC ATAAATCATA ATCACTGAAT TGTCATATAA 540  
 15 TCCTTTTTTC TTCAAGTCAT TAATATATTC TTCT 574

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 576:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 576:

CAATGTTTTA TAGTACAATA TATTTTnAAT AATACTCGTT AAGGAGAATG ATATGATATC 60  
 AATTCACGCA ATTTTCGACAG GAAAAATCCA AGATTTGCCT TATAGCTCGA AAAGACCGAT 120  
 30 GCGCTCTGCT TTAGATAAAA CTAAGATTTT ACAAACAACA TGGTTATCTT CAACTGGTTT 180  
 CACTGGTGAT GAACAGGCTT ATAAAGATCA TGGTGGACCA CATAAAGCAG TTTGTGGGTT 240  
 35 TAGTAAGCAT AATTATGCAC TGTATCAAGA TGATTTACCT AACTACCTA CTCATGCGAT 300  
 GTTTGGAGAG AATTTAACAT TTGATTATTT AGACGAATCT GATGTTTACT TTGGTAATCA 360  
 ATATCGTTTA GGTGAAGCGT TAATTGAGGT TTCTGAAATT AGAGAACCAT ACTGGAAAAT 420  
 40 TCAAGCAAAA TATAATATTC CTGATTTAGT GAAGCGCATG TCTACATCTG GTAAAACAGG 480  
 TTTCTATTTT CGGGTATTAA AACAAGGCTA TGTATCTCCA AATGATCAGC TTTACTTAAT 540  
 ACAAGAAGCA CCAATCGAAC ATCGTTTATC TGTACAACAG CTTAATGACC TTTATTATAA 600  
 45 TGATAGACAA AATCAAGaTA TGTTACGATA TGCACTAAAC AATCCATTTC TGTCACCAAC 660  
 AAGACGCGAT AAACCTTCAAA AAATGTATAA CAGAACATTG GAAATAATTA CCTTTCATTn 720  
 50 ATAAGTGTTA AATGAACTTT TCAAAACaNA AAGGAATCAA CTTACACAT CGTTTGTATG 780  
 AATAGTCITTA TCTATA 796

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 577:

(A) LENGTH: 1095 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 577:

10	AGAAATTATG ACAAAATATA AAGATGGAAA GTTAGTTTAT GCATCAGTCG AACCAGGATC	60
	TTACGTAATA CATAAAGATG ATGCAATTAA ATATGACGAT TATTCTAAGT TAAAAAATT	120
	AAGTCAGCTA ACTAAACTTG ATCATCCAAA ACCAGTTCCA TATAGCGTAc TCAAATCAAA	180
15	TCTTTCGGAG TACCTTTAAC AAGCGTTTCA TTTATGACAC ATGGATCAAA GGATACTAAA	240
	GATGAAGTGT TGCCGGCATT GGCCTATTTT ACTTTTTTCAC CAAAAAATTA TGAAGACAAG	300
	TCTAATCCAG ATCCAAAAGT TTTAAATTTA GTACATATGG ATTTCTTAAA TGCATCTAGT	360
20	GATTTTGGTA ACGCACATTT TGTTGTTTTA AGTAAATATA TTAAAGAGTA TGAATCAAAC	420
	TATGAAACAG CGTCAGATGA TTCTTTAAAA TAGTATTTAC TGTGTGAAAA ATAAATAGTG	480
25	TACTACATTA AATAATCGCA ATAATAATCC CGATAAACAA TCAGCATTAC TGCTTATCAC	540
	ATAGAGTTCG TAATAACTAT AACTCTATGA TTCGCAAATA ATAAATGATT GTCATCGGGA	600
	TTTATTTTTA TCAATTTATA AAGTGACATT ACCTTGTTCA TCAGCAGGTT TGAAAACAGT	660
30	AATCACTGCA CTAATAATTG CTAAAATGTG TGGGATACCT GTCCAACAGA ATATTAAGTG	720
	TAGAATACCT TGCATATTCT TGCCGGCATA AAATTTATGA ATACCAAAC TACCTAAGAA	780
	CAATGCTAAT AAAATATAAA TAACTTTGTT TACTTGCAAT TCTTCCCTC CAGTTGAATT	840
35	GCTTATAATG ACATTAGCTT CTCTTTTAT TATACCCACT TTTAGTTCAA ACATTCTAGT	900
	TTAAGCATTC CCAATCATCT AAATTTCACT TATTCAATCC TTACAATAAA TTTAGGATTA	960
	CATTTCACTT GCATTGTATT ATTTTACGTG TGAAATATAC GTAATGAATC ACATGACAAY	1020
40	CTyCAAATTG AAAAATATAC ATTCTATGAT GTAAGGTCGC ATTTTTAATA TATTTACGTn	1080
	AAAATAGTTT GGATG	1095

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 578:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 489 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 578:

55

ACTGCCAAAA TAATCATAGC CATGTTCTAC AGCTGCTTTC GCTACAATAT CCAAACGCAT 120  
 TTCAAAACAA GCGGTACAAC GTAAGCCGCC TTCTTTTTCa TCAGCTAATT CTTTATCCTT 180  
 5 CACCATTTTC ACAAACCTTAT GTGGTTCATA AGGTGCTTCA ATATACTTCA CATTGCGACC 240  
 AGTCTTGCGA TTAAATCTT CCACAAATTG TTCTTGCACT TTAGCACGTC GTAAGTACTC 300  
 ATTTTTCGGA TGAATATTTG AATTCGCGAA ATAAATTGCA ATGTCTGCAT ATTGTGTAA 360  
 10 AACTCTAAT GTATATGTAC TACAAGGTGC ACAACAATA TGCAATAAGa TTTTAGGTCT 420  
 GATTGCTTCT CTTTCCCACT GsCCGATTAA TnTCTTCAAC ACCTTGTTCA TAATTAATTT 480  
 15 GTnGATTTn 489

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 579:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1287 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 579:

CGTACTGCAT CATTTGTTGA AAAATTGCA AACTTCTTCA AGATGTTATG GCTTAGACTT 60  
 AAAGCGATGA AGCACTACAA AGCCTTAAAT AAAGAATCTA AGAAGCAAGA ATTTGAAAAT 120  
 30 TCATTCAAAG ATGTTCAAAA AATTATGCGT ATTGTGAATC ACAATATTAT TTTACGCTTA 180  
 AAAGAAGAAC AAAATAGTAC AAATGTACTT GAGGTTAGCT TAGTCATTAA TCATTACTAT 240  
 35 GATATGAGTC GCTCATTAAA GTGGCGTGCA CAACGTCGAA AAGAACGTCA AGAAAACAGC 300  
 AATCAAATCA TACCGCAAGC TATGTTCCAT AACCACAAAT TGGAAGCATT GTACTTACAA 360  
 CGTCATCTTT TAGATGAATT AATTCGCAAA AATAAAATCA ACAATATCGT TGCAGCTCAA 420  
 40 ATTCGAGAAA ATATCAATTa CAACGAAATT GTCTTGTCTT TACAGTCCAA ACATTaAGCA 480  
 AGaCwTaCaw TmCCCCCGTA CATATGAGAC AAAGTCATTA TCATCTCATA TGTACGGGGT 540  
 TTTTATATTC AACATCAAAA AATCAGATTG ATGAAAAGTA AATAACCTTT CATCAATCCG 600  
 45 ATTTGATTAT AGAATCTATT TTTTAAGTTT AAATGGAATT GTACATACGT TAACATTCTT 660  
 TTGATAAATT AAATACAATT TCATACGCAA ACTAGTTTGA TTGTGTAATA AATTATGCCA 720  
 ACGTTTCTTA GTAATAAATT CTGGTATCAC TACTGTAATC ATATAGTTTT GATCGTTGGC 780  
 50 TTTACGATTA ATCTTATCGA TAAACGTGA AATTGGTCGT ATAATACTGC GATATTCCGA 840  
 ATGTAAAATA ACTAATCTTA CATCTGGGAA ATGACGTTTC CATTTCTCTT GGAATGCTTT 900

TCGGTAATAA ATAGACTTAT CAACTGCTGT TGTAATACTT GTTATCGGCA CAATTGCTAA 1020  
 ATTACGATCT ACCACGTCCA CATTAAAGAAC ATCAATGTCA GAACGTAATT GTTCTGCGAT 1080  
 5 ATCTCGATAA TGkTTGkTAA TTTTCAAGAA GAAAATCACC ACGAACGGCA AGAAAATAAG 1140  
 TATCGGCCAT ACTTGGCTAA ATTTAGTTAT GAGTAAATC cATAAnAACA ATAAATGTCA 1200  
 10 CGATACCACC AAGTAAGTTC ACAGACAACT TACTTAACCA ATTCTTAGGA CGTTCATGAA 1260  
 TCCATTTAAT AACCATACCG AATTGTG 1287

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 580:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1223 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 580:

GCCTCCTTTC CTATATCCAT GGGTGTCTTA GTTGGGAATG GCTTATTCCC TATCCCAAAC 60  
 25 ATCTGTCAAT TCAAGACTAT CACTGTATAC TAAATCGCCT nTCTATACnT CCATnCATTT 120  
 CATTTTCCAG TTGGAACAAT TTGTTTAATT ATTTTAAATA TCATTATCAA TCCAGAAGTA 180  
 30 TTTACTATTC ACTTTTACAA TAATCAATCA TTAACTACA CATGGGTAGT CGGTGGTTTG 240  
 CTTGGGGTTA GCTTTTAAAC TGGCAATTTA TTGTTATTGC CAAAATTAGG TGCAACATTA 300  
 ACTGTAATTG CAACAGTTGC GGGTCAAATT ATTATGGGTG TCATTATTGA TACATTGGA 360  
 35 TTATTTGGCG CTACAATTCA TGATTTTAAT TTAATTAAAG CAATTGGAGT ATTGTTACTC 420  
 ATTGTCGGCA TCGTCATAAT GAATCAATTT AACAAGAATA ATTTATTACT AACTGATCAA 480  
 AAGTATTTAC TGTTTTGGCT TCTATTAGGA TTTATTTTTG GTTCTTTTCC ACCTATTCAA 540  
 40 ACGACAATTA ATAGTGCTTT AGCTAGTCAT ACTCATTCAC CAGCCTTTGC ATCATTAGTA 600  
 TCATTTACAA TTGGGTCAAT AGCGCTATTG ATTTTAACCG CTATTTTAA TCGTCTTTA 660  
 AAACTAAAAA CAAGTCATTT AAAATTCGGT AAATTAAAGC CTATCTATTT TACTGGCGGT 720  
 45 ATACTTGGCA TGGCTTTTGT AACAGCTAAC ATTATCTTAA TGCCTCATAT GGGTGCAGCA 780  
 TTAACAACAC TTATTGGGAT GTTTGGCCAG ATTCTAATGG GCATATTGAT AGATCACTTT 840  
 50 GGATTATTTG GTTCACCTAA AATAGCAATG ACATCCAGAA AACTATTGG TCTATTATGT 900  
 ATTTTGACAG GCATTATACT TTTAAGATTA TTTTAAATTA ACTTTTAGCT TATCATTTTA 960  
 ACTTGTAATT ATTTTAAAAA GTGATAAGCT ATTTTTTGT GGTCTAAAAA TCTTTAGAAA 1020

CAACTCATTTC TTAAGACCTA AATTAATGTT ATnTTTTTAAT AATTTACACC AAATTAATAG 1140  
 CAAAAATTAT GTTATTCGTG CTAATATTTTC ATAGTTGGTT ATTCAATTAA TTAAAAATAA 1200  
 5 GTCAAAATGC ACAACTTTTT ATn 1223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 581:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 581:

CACCTTTTTA TCATGCTTAG TTATCAATAA ATCTATATTT TGCTGTTTTA CAATTTTTTTT 60  
 20 AACTTTTATCA ATCTCATTAT CTGGGACTAA ATAAATATAT GATCTTGCAT CTGTTGCTAG 120  
 AGCTTGTTTCG TGTTTTTCTG ATAAACATA TGTGATGGAA GCGTGAATAA TAATGCCTAA 180  
 TGTAACAAAA CTGATAATTA ATATACTGCT TATCAATAAC ATTAAGCGGT GGTGAAACTT 240  
 25 CATCATTGTT CTTTAGGTCT TTCCAATTTA TAGCCTAAGC CACGCACAGT TTTAATAAGT 300  
 TGTGGCTTCT TAGGATTATC TTCTAATTTA TCTCTTAAAT GACTGATATG TACATCAACA 360  
 ATTCTTGAGT CTCCTGCAA TTCATAATTC CATACCGTAT TTAACATATG CTCTCTCGTA 420  
 30 ATGACTCTGC CTTGTCTTTC TATCAAATAA AGCA 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 582:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 452 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 582:

TTTATAAGAT TTTATTTTACA AATAATTGGT TTTCATATGT ATAAACACTT TTGACTTTCA 60  
 45 AATCTTAACG ATAATTCTAT TACAATACAA TCCCCTATTA GAATGATTTA TGTAATAAAA 120  
 AAAGCGGAGT TTCCCCCAGC TTTTCTAAAC GACTACATAA AATATAAGAT TGCAATTAAA 180  
 TGCAATAGTG ATGCTATTAC AATAAAAAA TA TGCCAAATCA TATGAAAATA TGGTCTATTC 240  
 50 TTTTGTGCAT AAAACCATGC ACCAATTGTA TAAGACACAC CACCTAAGAA AATGAATAAT 300  
 ATGAATATCC ATGATGTGCG AATAAAAAA ATTGGTAACA AGATAATACC TACCCAGCCC 360

AAAATCCCCC AAAGTGTCTG TCCCCATAAT AA

452

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 583:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1472 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 583:

15	CGCTTTTTCG AATAAGTCAT TAGCCGCTTT TAAGCCTTCT TCTTTTCGAT CTACAACAAG	60
	TAAAATAAAT GGCTTTAACG CTTCTTCTTT TTCACTTTCA AGCATATCTG GTTTTTGAAC	120
	CATTTCAAAT GGAGATTTC AATCCATTATT ATCGCTCATT TCAATAATTG CATCATACTG	180
20	TGCTTGTGAC ATACTTGCAA TAGCCTGTTT TGCATTTTCT TGAAGGAAAT ATAAGTTTTT	240
	CAATTTAGGA TGCTTATTTA ATGTACTTAA TGTAATCGGT GTAATGTCTT TCTCATAAGA	300
	CACTTCAATC ACTGTACTAT TTGTTCTACC AGGAATTGGT GGTTTTTTCAT GAATATGCTT	360
25	TGATACTTCT CCAATTCCAA CGACAGATTG ATTTTTCGTT CGATTATAAA AAATAATATT	420
	GTCGCCTTCT TCTAACTGAG TATAAAAATG ATAACCATT ACGTTTAATAC CGTTGTACGT	480
	GTGCGTATAA ATCGTATATT GGTTTCCAGG TTCAAATTCT TCAGTTTCAG CTAAAAAGAA	540
30	ATAACGCGGT ATCTTAATTT CGCCTTTACC AAGACCACTT ATTAAATCAA ACTCTTCTGC	600
	AGTGATTGGA TTGAACAATG TCTCTTTCAT ATnACTTATA CGAAATTCCA AAGCTTCACT	660
35	ACGCTTTAAA TAATCTGCTG TTAATGGTTT CAATTGTTCA TTAACACGAA ACTGTACACG	720
	TATTTTATTT TGTGCACCTG TTTCAACACT AATAATTTCA CCACATCCAA GTAGTCCAGT	780
	ATCCGTCTGA ACTTGATAAA AGATGACTTG ATCTCCTACT TTAGCCTTTT TAAACGCTCT	840
40	AAATCCTTGA GATGGGTAA AATGTGCGCC TGATTCAAAT AAAGCTGTTT GTCCTACTAA	900
	CGGTTCAATTA TGATTCCAAC GGTATATATCC ACAATTCAAC CAAAAATAAT TCGTTTCTGC	960
	TGTCATCTTA ATACTCCTTA ACCTGAATAA ATTTTAGAAA CACTATGAAT TACATTCTTT	1020
45	TAGTGTTTCT TATGCAGTTG GACGCGTATG CGAACAACTG TATACCCTTT GTTCACTGCG	1080
	ATTTTAATCG CATTTTCTAT AACATTGTAG CGCCCAGGAC ATTAATTTAC GTCCCAGACC	1140
50	CTTATCGTTT TCACTTCTAA GTAAGTCGAA CTATTTTGCT TTACAACAAG TGCGACTCTA	1200
	AATACAGTTG GACACACATA CGAGCAACTG TATACCTTTT AATCAGTTTT CTATATTTTA	1260
55	TTTATTATAT CTGTCTTAAT GATAAAAATT GTTACAAACA GTTTAACATA TTTAGCTACC	1320

ATGATACCAC TATGCTTGCh TATCTCTATA GCGCCATTGA TACACATTTT TAAATATCTA 1440  
TACTGCCGTT AGAATTTTAT CATGTCTnAA TT 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 584:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 787 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 584:

GGTAGTGAAT GGGGTTCAAG ACAACAGTAT TGGAAGTACG AATGAATCAC AGTTTTTAGG 60  
AAATTATATT GTAATTAAGC ACGCAGAAAA TGAGTATAGC TTAATAGCTC ATTTACACCA 120  
ATATTCAATC ATTGTGAATG AGGGGCAAAA TGTTAAATAT GGTGATATCA TTGGGAAGGT 180  
TGGAATTCT GGCAATTCTA CTGAACCTCA TATACATTTT CAAGTAATGA ATGATAAGAA 240  
TATTGAAGCA TGTACATCTT TAAAAATTCG ATTTATAAAT AATCGAGAAC TTATCAAAGG 300  
GGATGTGGTC TCGCGATTAC AAGCTGAATG ATGGCGATAC TTATAAAATC TCGACACTAT 360  
AAAAATGGTA TAGTGTGAG ATTTTCTTGC TTATTTAGTT AATTCAAAGT GCACGCCGGA 420  
TTCATTAGAA GTCGACGTAT TTTTGTGTTGT AATAGAGTAA CCGGTCATTG AAATTTTAGA 480  
TTCAATATCT GAAGCGGAAT TTGTAGATTC AGGATTATAG AAGCTACATT CATAAGTGTT 540  
ATCATCTTTC TTTTAAAGTA TAAACATACC TTTGGCTTTA ACTTCGACTT TAGTGTGTT 600  
AATGTCAAAA GTTTGAGTGC TATTACTATA ATTAACACCA GCCCAAACCG ATTCATTATC 660  
TTTCACAACG GGGAAGTCAT CTTCTTGCTT AACGACGTnA CTTCATCTTT CTCTGTCTTA 720  
AAGACATCTT TAGATAAGCC TGGATACAAC ACATATCCAT ATTTATTGTC AGAATTAGAA 780  
TGCTTTT 787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 585:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 830 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 585:

ATGCTAAATT AGGGGGAATA TTTACGATAA AGAGACCAGA AAAATAATAA AACACATGCT 60

TAAAATGAAG ACTATTTTTT ATTACAAGAA AATGTATCTA GTAAACTTAA AGTAGCAAGA 180  
 CCTAATAAAT TTAATGCATG TTGTGCACCT TTTTACCTT GGCCAGCTTC GAAATGTTTG 240  
 5 TAAGCAGCTA CACTTAAAAT GCCTATCGTT GATAGTGATG CAAGGCGAGA AATGTTTTTA 300  
 TTGATAAAGC TAGCTGAGTA TAAAGCAGCA GTAGTTGCTT CTGCAATGCC GACGTATTTT 360  
 10 ACAAGTTCTT TTTGCAAGCC AAAAGTATGT TCAAACAGTT CAATCATACC CTTATCTTCT 420  
 TGCAATTTAG GTTTACTGGC TTGGTATAGC TCTTTCGCAA GTTTTAAATT CGTTGCGTAA 480  
 CGCAAAATCA TATTTAATTC CTCCCAATAT TTGATTTTTT GTGAAAGATG ATTACTTTAT 540  
 15 CATTTTTACC CGTTTCTATA AAAATGAATC AATTATGTAA CGTATGTGTA GTTTAGGAAT 600  
 GTTTGCTATG GAAATATAAT TCTGTTCACT CAAAATGTAT GAAATTAATG TGTAGTTTTG 660  
 TCGAGTTGCT CTTTAAATTT GGTTAGATTG TTTTITAGAG AAGCGGTACT ATTTTTAAGT 720  
 20 GCATCAACAG ATTTACCTTC GTTTTGAGAC ATTGAGTTTA TTACAGCACG AAGTTCTGTT 780  
 TCTAGTATGT CaGCGTCGct TTAGCATTAG AACTTAaTat TTatAcTCTT 830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 586:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 412 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 586:

35 TTAGGACGTT TTTACAATCA GTACAATGAG CTCATTGTTA TTAGTCCTTT AACGGCGTCT 60  
 TTTAATGCTG GCGCTACATT TGGGCGATTT CATCATTTAA TTGATACTGA AACTTTAGCA 120  
 AAATTAGAAC ATGAAAAAGG ACATTATTAT CAGAAGATGA TATGTGATGA CAATGTAGAA 180  
 40 ATGATTTCTA TAAATAACAT ACCGAAATAT CCGAGAAATC ATAATGTATT AACTAATCAT 240  
 GACTCATACG AATATTCATT GAATTTAGGA AGTAGTAATA GTTATTCAAA GTATGAGCTT 300  
 ACCTTAGATG ATATTTATGT TGGTGCTACC TTTtAACAAA TTATATTTAT ATTCTAGCCm 360  
 45 ACTAAATAAA AGGGkaCtaT TTGaATCaAA CmATaTGtAT TAACCTTTTT TA 412

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 587:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4709 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 587:

	TTCAGTTTGA AATTAATCAT ATAAATTTCT TATGGGAGGG TTGATATCTT AATGATTAAC	60
5	ATTATTTTCAG CTATAGGATC TATTGGAACA TTTATTATGG CTTTATTTTA TTTTGTATCA	120
	GTTTCAGTTC AACTTTATCA AATGAAAATT AGCTTTCTGC CAGCTTTAGG TTTTAACCAA	180
	ATTTTATTAG AAAGGGAGGA GGATCAACTT AATATAATGA ATTCGGCAAC AGAAGAGCAT	240
10	CATCATAAAG ATTATATTAA ACTATATAAT TTAGGTGGCG GTGCTGCTAA TAAAATTGCA	300
	ATAGAGGTTT TATTGGGGAA GGATrAGTC ATTCAGAAAA AATACGTGCA TATTkTACCT	360
15	AGTAAAGAAG GGTACATGTT ACCAATTAAT AAAAATGTGT ACGAAGAATT AGAAAGAACG	420
	ATTGAsAACA ATGGTCATGA AGCTGATTTG AATGTACGTA TGACTTATTA TCATAATGTA	480
	AGTCGCAAAC AACAGGAAGT TATATTAAAA GGTCAAATCG ACCGTTTTAA TACTTATAAT	540
20	AATAAAGAAA TTTATGATTT GCAGTTTATC TAAAAATTGA TTTAAGAGGG TAGTTGTTTA	600
	TTGCGAAAAA TATCATTCAA TTTTAATGAA ATAATGCCGT CATTACTATA AAATATTACT	660
	TTATGTTGTA ATGCATTTTT CTATAAGATA GAACTAAAAG GAGGGGCAAA GATGCAAATT	720
25	AGACAAATAC ATCAACATGA CTTTGCTCAA GTGGACCAGT TAATTAGAAC GGCATTTGAA	780
	AATAGTGAAC ATGGTTATGG TAATGAATCA GAGCTAGTAG ACCAAATTCG TCTAAGTGAT	840
	ACGTATGACA ATACCTTAGA ATTAGTAGCT GTTCTTCAAA ATGAAGTTGT AGGGCACGGT	900
30	TTACTAAGTG AAGTTTATCT TGATAACGAG GCACAACGGG AAATTGGATT AGTGTTAGCA	960
	CCTGTATCTG TTGATATTCA TCATCAAAAT AAAGGTATTG GGAAGCGATT GATTCAAGCA	1020
35	TTAGAACGAG AAGCAATATT AAAAGGATAT AATTTTATCA GTGTATTAGG ATGGCCGACG	1080
	TATTATGCCA ATCTAGGATA TCAACGCGCA AGTATGTACG ACATTTATCC ACCATATGAT	1140
	GGTATACCAG ACGAAGCGTT TTTAATTAAA GAATTAAAAG TGAACAGTTT AGCGGGAAAA	1200
40	ACAGGTACCA TAAATTACAC ATCTGCTTTT GAAAAAATAT GATTTCAGC TAGGATTACA	1260
	TTAGGTAGAG TTCATATTAA TAATAAAAAA TGTTTGCAAT CAAATCGTAC GTTGTGTTTT	1320
	GTAATTCTTA AAATAGCAAT AAATAAAATG TTTGTTAGTA AAGTATTATT GTGGATAATA	1380
45	AAATATCGAT ACAAATTAAT TGCTATAATG CAaTTTTAGT GTATAATTCC ATTGACAGAG	1440
	ATTAAATATA TCTTTAAAGG GTATATAGTT AATATAAAAT GACTTTTTTAA AAAGAGGGAA	1500
50	TAAAATGAAT ATGAAGAAAA AAGAAAAACA CGCAATTCGG AAAAAATCGA TTGGCGTGCC	1560
	TTCAGTGCTT GTAGGTACGT TAATCGGTTT TGGACTACTC AGCAGTAAAG AAGCAGATGC	1620
55	AAGTGAAAT AGTGTTACGC AATCTGATAG CGCAAGTAAC GAAAGCAAAA GTAATGATTC	1680

	GTCAAACACT	AATAATGGCG	AAACGAGTGT	GGCGCAAAAT	CCAGCACAAC	AGGAAACGAC	1800
	ACAATCATCA	TCAACAAATG	CAACTACGGA	AGAAACGCCG	GTAAGTGGTG	AAGCTACTAC	1860
5	TACGACAACG	AATCAAGCTA	ATACACCGGC	AACAACCTCA	TCAAGCAATA	CAAATGCGGA	1920
	GGAATTAGTG	AATCAAACAA	GTAATGAAAC	GACTTCTAAT	GATACTAATA	CAGTATCATC	1980
10	TGTAAATTCA	CCTCAAAATT	CTACAAATGC	GGAAAATGTT	TCAACAACGC	AAGATACTTC	2040
	AACTGAAGCA	ACACCTTCAA	ACAATGAATC	AGCTCCACAG	AGTACAGATG	CAAGTAATAA	2100
	AGATGTAGTT	AATCAAGCGG	TTAATACAAG	TGCGCCTAGA	ATGAGAGCAT	TTAGTTTAGC	2160
15	GGCAGTAGCT	GCAGATGCAC	CGGTAGCTGG	CACAGATATT	ACGAATCAGT	TGACGAATGT	2220
	GACAGTTGGT	ATTGACTCTG	GTACGACTGT	GTATCCGCAC	CAAGCAGGTT	ATGTCAAACCT	2280
	GAATTATGGT	TTTTTCAGTGC	CTAATTCTGC	TGTTAAAGGT	GACACATTCA	AAATAACTGT	2340
20	ACCTAAAGAA	TTAAACTTAA	ATGGTGTAAC	TTCAACTGCT	AAAGTGCCAC	CAATTATGGC	2400
	TGGAGATCAA	GTATTGGCAA	ATGGTGTAAT	CGATAGTGAT	GGTAATGTTA	TTTATACATT	2460
	TACAGACTAT	GTAAATACTA	AAGATGATGT	AAAAGCAACT	TTGACCATGC	CCGCTTATAT	2520
25	TGACCCTGAA	AATGTTAAAA	AGACAGGTAA	TGTGACATTG	GCTACTGGCA	TAGGTAGTAC	2580
	AACAGCAAAC	AAAACAGTAT	TAGTAGATTA	TGAAAAATAT	GGTAAGTTTT	ATAACTTATC	2640
30	TATTAAAGGT	ACAATTGACC	AAATCGATAA	AACAAATAAT	ACGTATCGTC	AGACAATTTA	2700
	TGTCAATCCA	AGTGGAGATA	ACGTTATTGC	GCCGGTTTTA	ACAGGTAATT	TAAAACCAAA	2760
	TACGGATAGT	AATGCATTAA	TAGATCAGCA	AAATACAAGT	ATTAAAGTAT	ATAAAGTAGA	2820
35	TAATGCAGCT	GATTTATCTG	AAAGTTACTT	TGTGAATCCA	GAAAACTTTG	AGGATGTCAC	2880
	TAATAGTGTG	AATATTACAT	TCCCAAATCC	AAATCAATAT	AAAGTAGAGT	TTAATACGCC	2940
	TGATGATCAA	ATTACAACAC	CGTATATAGT	AGTTGTTAAT	GGTCATATTG	ATCCGAATAG	3000
40	CAAAGGTGAT	TTAGCTTTAC	GTTCAACTTT	ATATGGGTAT	AACTCGAATA	TAATTTGGCG	3060
	CTCTATGTCA	TGGGACAACG	AAGTAGCATT	TAATAACGGA	TCAGGTTCTG	GTGACGGTAT	3120
	CGATAAACCA	GTTGTTCCCTG	AACAACCTGA	TGAGCCTGGT	GAAATTGAAC	CAATTCCAGA	3180
45	GGATTCAGAT	TCTGACCCAG	G TTCAGATTC	TGGCAGCGAT	TCTAATTCAG	ATAGCGGTTC	3240
	AGATTCGGGT	AGTGATTCTA	CATCAGATAG	TGGTTCAGAT	TCAGCGAGTG	ATTCAGATTC	3300
50	AGCAAGTGAT	TCAGACTCAG	CGAGTGATTC	AGATTCAGCA	AGCGATTCCG	ACTCAGCGAG	3360
	CGATTCCGAC	TCAGACAATG	ACTCGGATTC	AGATAGCGAT	TCTGACTCAG	ACAGTGACTC	3420
	AGATTCCGAC	AGTGACTCAG	ATTCAGATAG	CGATTCTGAC	TCAGACAGTG	ACTCGGATTC	3480

55

CGATTCTGAC TCCGACAGTG ATTCCGACTC AGACAGCGAT TCAGATTCCG ACAGTGATTG 3600  
 CGACTCAGAT AGCGATTCCG ACTCAGATAG CGACTCAGAT TCAGACAGCG ATTCAGATTG 3660  
 5 AGACAGCGAT TCAGATTGAG ATAGCGATTG AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCCGACAG 3720  
 TGACTCGGAT TCAGATAGCG ATTCAGATTG CGACAGTGAC TCAGATTCCG ACAGTGACTC 3780  
 AGACTCAGAC AGTGATTCCG ATTCAGCGAG TGATTCCGAT TCAGATAGTG ATTCCGACTC 3840  
 10 CGACAGTGAC TCGGATTGAG ATAGCGACTC AGACTCGGAT AGCGACTCGG ATTCAGATAG 3900  
 CGATTCCGAC TCAGATAGCG ATTCAGAAATC AGACAGCGAT TCAGATTGAG ACAGCGACTC 3960  
 AGACAGTGAC TCAGATTGAG ATAGTGACTC GGATTGAGCG AGTGATTGAG ACTCAGGTAG 4020  
 15 TGACTCCGAT TCATCAAGTG ATTCCGACTC AGAAAGTGAT TCAAATAGCG ATTCCGAGTC 4080  
 AGTTTCTAAC AATAATGTAG TTCCGCCTAA TTCACCTAAA AATGGTACTA ATGCTTCTAA 4140  
 20 TAAAAATGAG GCTAAAGATA GTAAAGAACC ATTACCAGAT ACAGGTTCTG AAGATGAAGC 4200  
 AAATACGTCA CTAATTTGGG GATTATTAGC ATCAATAGGT TCATTACTAC TTTTCAGAAG 4260  
 AAAAAAGAA AATAAGATA AGAAATAAGT AATAATGATA TTAAATTAAT CATATGATTG 4320  
 25 ATGAAgnaAc rCCTTAAAAG GTGGCTTTTT TACTTGATT TTCCAAATAT ATTGTTTGAA 4380  
 TATAATTAAT AATTAATTCA TCAACAGTTA ATTATTTTAA AAAGGTAGAT GTTATATAAT 4440  
 TTGGCTTGGC GAAAAATAG GGTGTAAGGT AGGTTGTTAA TTAGGGAAAA TTAAGGAGAA 4500  
 30 AATACAGTTG AAAAATAAAT TGCTAGTTTT ATCATTGGGA GCATTATGTG TATCACAAAT 4560  
 TTGGGAAAGT AATCGTGCAG GTGCAGTGGT TTCTGGGGAG AAGAATCCAT ATGTATCTAG 4620  
 TCGTTGAAAC TGAATAATAA TAAAAATAAA TCTAGAACAG TAGAAGAGTA TAAGAAAAGA 4680  
 35 TTGGATGATT TCAATATGGT CCnTTCCCA 4709

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 588:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1554 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 588:

CTTTTTAAAt TAwCgGaAtA TTGtCaTgaT tAcAcTTCGt TAGGGTTTAc gTCGtAATTT 60  
 50 CATTTaaTAA gCgCTTCaCc ATTAAAtGTG gTAmCCTTTA ATTCGCCAGT AGAAACATCA 120  
 CAGTAACTAA GCGCAATTTc AGGTTGATTc ATAACAAAC TTAAAAATATA GTTATTTTGT 180

55

CGTCTAACCA TACCTTTCGT TTGTTTCGGA TCTTCCATCT GTTCACAAAT AGCTACTTTA 300  
 TATCCATTAT TAACAAGTGT ATCTATATAA CTATCTGCAG AATGATACGG AACACCACAC 360  
 5 ATCGGAATTG GATTTTCTTT TTTAGCATCT CTTTtagTTA AAGTAATTTc AAGTAyACGT 420  
 GATGCCTCCT TGGCATCTTC ATAAAACATT TCATAGAAAT CACCTAGTCT AAAAAATAAT 480  
 AAGCAATCTT GGTATTCTGA TTTTATTTTT AAATATTGCT GCATCATTTG TGTAACATTA 540  
 10 GACATATTAT TTCTTCACAA CCCTTGCTCTC TTTTAAAAAT TTGTCTTTAC AATATATTcG 600  
 TTTGTAAGyT TTTTAATTAT TAATTATTTA ACTTATACAT TTTAACATAC TTACTTTTTAC 660  
 AAACCTATTC ATACCATATA ATCACGAAGC ATCTTAAATG TATAAGAAAA CGCCTCAAAC 720  
 15 CTAATAAAAT GTGTCAATAG CATGTTTtag ATTAAATTAA AATTCTAACA TTCAAGACAT 780  
 TTAATTAAGT AAGGGCGTTC AATATTAAAA TGAACAATGA CTCTGTTTGA AATCATATAT 840  
 20 CATAAAATTA TTTTATAAAC CTTTGAAGAA TACCACGTTT TTTTAGAGTA ATTAATAAGA 900  
 AATAACTTAT AATAGATCCG ATAGCACTTG aGACTATGaA CGTAATCATT AACGGTTTTAA 960  
 TGAAGAAGTC TTGAAGCCCA AGGaAATATG CTAATGGtAT aCaAATTAAA cTTCCgATGA 1020  
 25 CaCCAGTTCC aAGTACTTCa CCGACCGCGG CCaTAAATAT ATGTTTACGA TATnygTAAA 1080  
 ACATACTAGC CAATAAAACT CCAATCATAC TACCCGGAAA TGCAAAAGst GTACCAGTAC 1140  
 CAAAAAGAAC TCTTAAAATT GATGATATAA GCGCTTGAGC TAATCCATAC CAAGGACCTA 1200  
 30 CTATGACCGC ACTTAATACA TTTACAAAAT GCTGTACTGG TGCTGCCTTA ACTGGTCCTA 1260  
 GAGGAATGAT GATAATACTG CTTAATACAA CATTtATTGC AATTAAAAGT GCAGTTATAG 1320  
 CCAGTTTTCT TGATTTCATA TGATTGTTCT CCTTTTTGTT TGTAATTAAAT CACTATGCTT 1380  
 35 GGCTTTATTA TGGTCATTa AACGTGTTTC CATTGTTGAT ACAAACATT TCAATAATTG 1440  
 ATTCGCTTCA TATTGTGAAG TTTGAACTG TTCAACTATG GGCAATGTAT TTATTTCTGC 1500  
 40 TTCTAtACTC TGAATGGtAT GTTCCGACTG nTCCAGCGCA TTTGTTTCCC GnAA 1554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 589:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 638 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 589:

TTTtGACGAA AAAAGTTGAT TTACAAATAT ATAAACGTTG TGATTTCaAT GTTTGTATAG 60

55

TATATACATG ACAGCAACTT GGGAAAAAAA GGAAGGTAAC GAAGGTTTAT TAACTGTTAC 180  
 TGTTCTGCA GAAAAAGTAA ACAAAGCTCT GAGAGATCCC CTCATAATTT CCCCAGCG 240  
 5 TAACCATGTG TGAATAAATT TTGAGCTAGT AGGGTTGCAG CCACGAGTAA GTCTTCCCTT 300  
 GTTATTGTGT AGCCAGAATG CCGCAAACT TCCATGCCTA AGCGAACTGT TGAGAGTACG 360  
 TTTCGATTTC TGAATGTGTT AGCCTGGAAG TGCTTGTCCT AACCTTGTTT CTGAGCATGA 420  
 10 ACGsCCGCAA GCCAACATGT TAGTTGAAGC ATCAGGGCGA TTAGCAGCAT GmTATCAAAA 480  
 CGCTCTGAGC TGCTCGTTCG GCTATGGCGT AGGCcTAGTC CGTAGgCAGG ACTTTTCAAG 540  
 TCTCGGAAGG yTTCTTCAAT CTGCATTGCG TTCGAATAGA TATTAACAAG TTGTTTGGGT 600  
 15 GTTcGAATTk CAACArGTaA GTtAGtTGCT AGAnCCCA 638

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 590:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1242 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 590:

AAAATATTCC CGTACATTTT GATGTCTGTA GGGGCTTTTT TGACTTTAGG ATTTGTCATT 60  
 30 TTTTCAATTC ATAAAGGGAG ACGAACGAAA AATGAATCAG CACGTAAAAG TAACATTTGA 120  
 TTTTACTAAT TATAATTACG GCACATATGA CTTAGCAGTA CCAGCATATT TACCGATAAA 180  
 AACTTAAATA GCTTTAGTAT TGGATAGTTT GGACATTTCA ATATTGATG TCAATACACA 240  
 35 AATTAAAGTG ATGACGAAAG GTCAATTACT TGTTGAAAAT GATCGACTCA TTGATTATCA 300  
 AATCGCTGAT GGAGATATTT TGAAGTTACT ATAGGAGGGA AAATAGATGG TTAAAAATCA 360  
 40 TAACCCTAAA AATGAAATGC aAGATATGTT AACGCCTTTA GATGCTGAAG AAGCAGCTAA 420  
 AACAAAATTA CGCTTAGATA TGAGAGAGAT TCCTAAGTCT TCAATTAAAC CAGAACATTT 480  
 TCATTTAATG TACTTATTAG AACACATTC TCCATATTTT ATAGATGCTG AATTAAGTGA 540  
 45 ACTACGTGAC aGTTTCCaAA TACATtATGA CATTATGAc AATCATACAC CTTTTGATAA 600  
 TATTAAATCA TTTACTAAAA ATGAAAAATT ACGTTACTTA CTCAATATCA AAAATTTAGA 660  
 AGAAgTAAAT CGTACACGCT ACACATTTGT GTTGGCACCA GATGAATTAT TTTTCACAAG 720  
 50 AGATGGATTA CCCATTGCTA AAACAAGAGG GTTACAAAAT GTTGTGATC CATTACCTGT 780  
 GTCAGAAGCT GAATTTTTTAA CAAGATATAA AGCGCTGGTT ATCTGTGCAT TCAATGAGAA 840

AACTAAAGTT ATTGAAGCGG CAACGTTAGA TTTACTAACG GCATTTTTTAG ATGAACAGTA 960  
 TCAGAAACAA GAACAAGATT ATAGTCAAAA TTATGCATAT GTACGCAAAG TAGGACATAC 1020  
 5 CGTTTTCAAA TGGGTTGCTA TCGGTATGAC AACGTTAAGT GTTTTATTAA TTGCATTCTT 1080  
 AGCCTTTTTTA TATTTTTTCAG TAATGAAGCA TAATGAGCGC ATTGAAAAAG GATACCAAGC 1140  
 10 ATTTGTAAAG GATGtTATAC GCAAGTACTA AATACGTATG ATGATTTAGA TGGTaAAAAt 1200  
 TgaTAAAGAG GCACTTTACA TTTATGCCAA AAGTTATATC CA 1242

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 591:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 744 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 591:

TTCCAGATAG AGCCTTAGTT GCTGCCGCTG AATTGTCTGA TCGTTACATC ACTGATCGTT 60  
 25 TTTTACCAG ATAAAGCGAT TGATTTAGTT GACCAAGCAT GTGCAACAAT TCGTACGGAA 120  
 ATGGGATCAA ATCCAAGTGA ATTGGATCAA GTTAATAGAC GTGTCATGCA ATTAGAAATT 180  
 30 GAAGAAAGCG CACTTAAAAA TGAATCTGAC AATGCGAGCA AACAGAGATT ACAAGAACTA 240  
 CAAGAAGAGC TTGCCAATGA AAAAGAGAAA CAAGCAGCAC TTCAATCTCG TGTAGAATCA 300  
 GAAAAAGAAA AAATAGCAAA TTTACAAGAA AAACGTGCGC AACTAGATGA AAGTAGACAA 360  
 35 GCGTTGGAAG ATGCACAAAC AAATAACAAT TTAGAAAAAG CTGCTGAACT ACAATATGGA 420  
 ACAATTCTCTC AATTGGAAAA AGAACTTAGA GAATTAGAGG ATAATTTCCA AGATGAGCAA 480  
 GGTGAAGATA CAGATCGAAT GATTCGTGAA GTTGTAAACAG ACGAAGAAAT TGGCGATATT 540  
 40 GTCAGCCAAT GGACAGGCAT ACCAGTTTCA AAATTAGTTG AAACAGAACG TGAAAAATTA 600  
 CTTCACTTAA GTGACATCTT GCATAAACGT GTTGTAGGTC AAGATAAAGC GGTGACCTG 660  
 GTTTCAGATG CAGTAGTTAG AGCAAGAGCA GGTATTAAAG TnCAAACAGA CCTATTGGTA 720  
 45 GTTTCTnATT CCTAGGTCCn ACTG 744

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 592:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1449 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 592:

TTGTTATAGT GTCTGAATCT GTGTAACCTCT TGCCCATGTG TTCTGAGTAA AGCACCCACT 60  
 5 GTTTATTAC TTTTCGTTGT AGTCTAGCTT CGTGTAGTAG TTTGTTTAAAC TTTTGTGCTG 120  
 ATATACCGTA GTCTGCCGCG ATTTGAGTTG TGGCTAATGT GCCAGTTGAT TTTAAGATTT 180  
 CATCAACATA ATCTGCTTTG GGTTTTAGCT CTCCAATTC TTGTTGTAAA AGTAAGTTTT 240  
 10 GCTCTTTTTC TTTCTTATAC TCAGTCAACA CTGTAATGAT GTAGTCTGGA TCTTTTAATG 300  
 TTTGTTCAAT TACATTGTCT GTTGCCTATA TACCGTGTTC GCGAATAGCT GGTaGGACAT 360  
 CTGATGTTAC CCAGCGTTTG AATTTCTAG CGGTTCTCT AATTTTTTCG TTTTGTCTT 420  
 15 GTTTAGAAGC ATCGAAGATT AGACTGTATA ATCCTGATTC GTTGATAATG ATCATATTC 480  
 TGTTTTGACC TGATGCACTA AATTGGTGCG TCAGTTTGTC CTCGCTATCA ACATGATTC 540  
 20 TAATGGCATT GTCTGATCTT GCATATCCTA AAATCTCAGC AATATCTTTT CCTACAAAAT 600  
 AAGGTTCTT TTCAATTTCT ACTGTTCTTA CTGGTAGCTC TTTAAAATTA AATGTTTGTA 660  
 ATGCTTGCAT TTGAGTATCC TCCTTTTCC TCAACACCCA CATTGAGCAG ACGGTTATCG 720  
 25 CAATGACTAT CGAATGTATT TAAACGCGGC TCATATCATC GCCAGcTCTC GCTCACATCT 780  
 GCTCAATGTG GATGTTGATA AGCGTGGTTA TATTAAGAAG TGAATGTTAC TGATTCACTT 840  
 TCCGCCACTC TGTTAAATCA GTAACCTTGT TATCGCTTTC AACACCGTTA AGCTTGCTA 900  
 30 ACGCTTTCAC TACTTTTTGG AACTCTTGA TAGCACTcCG TAGCTTTTTTA GTAATTCAT 960  
 CTTCTACCAT TTCCAAACCA GCAAATGCGT CTTGTTATT CATGCTTAGA TGTTTGTGA 1020  
 AAAGATCTCG AGTGATCTT ATTTCTTAA GTGATTTATC ATAAGCTTCA ATTTGTCTG 1080  
 35 AAAGGTTATG ATATTTTAGT TGAGTTTAA CTAATTTTAA TGATTGGTCT TGCATTTGTT 1140  
 ATGTCTCCTT TAAGATGTTT GTTGCCTTT CGTGTACTTT GTGGGTAAAA AAATATCTCC 1200  
 40 AATATTTTCG TCAAAAAAAT CAGCGATAAT AACATCTCA TCATTCTTAA ATTGATGCTT 1260  
 TCCTAATTCT TTAAACGAT AACCTTCAGT TGATATATTC AAGAGGTTTG CTAAATCTTC 1320  
 TTGAGTACAC TTTCTTCTT TTCTCAACTT TATTAATTC CATTGCATGT TGTACCTCC 1380  
 45 CGCTTTACAA AACCTACTAT ACACGATACG GTACTTGnGT CAACATAAAA GTTTGCTTTT 1440  
 CGTGTATTT 1449

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 593:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1170 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 593:

5	ACCAAAAACA CTTTCTAAAG AAATTGTTTC AGAACCATTT GCTAAAAACC AATTACGTGA	60
	AAAAGCTCGT CTAAC TAACA TTAAAGGTTT AGAGATTCCA AGAGTTTCAT AACTTTTAGA	120
	CGATGATGAT TTCATTACAG ACGTAGAAAC AGCAAAAGAA TAAAAGCAA AAGGTGATAC	180
10	AGTCAAGTTC ACTACTAATA AATTCAAAGT ATTTGCTGCA ATTCAGATA CTGTAATTCA	240
	TGGATCAGAT GTAGATTTAG TAACTGGGT TGAAAACGCA CTACAATCAG GATTAGCAGC	300
	TAAAGAGCGT AAAGATGCCT TAGCAGTAAG TCCTAAATCT GGATTAGAAC ACATGTCATT	360
15	TTATAATGGA TCTGTTAAAG AAGTTGArGG AGCAGACATG TATGATGCTA TTATTAACGC	420
	TTTAGCAGAT TTACATGAAG ATTATCGTGA TAACGCAACA ATTTATATGC GATATGCAGA	480
20	TTATGTCAAA ATTATTAGTG TTCTTTCAAA TGGAACAACA AATTTCTTTG ACACACCAGC	540
	AGAAAAAGTA TTTGGCAAAC CAGTAGTATT TACAGATGCA GCAGTTAAAC CTATTGTGGG	600
	AGATTTCAAT TATTTTGAA TTAATATGA TGGAACAAC TATGACACTG ATAAAGATGT	660
25	TAAAAAAGGC GAATATTTGT TTGTATTAAC AGCATGGTAT GATCAGCAAC GTACATTAGA	720
	CAGTGCATTC AGAATTGCAA AAGCAAAAGA AAATACAGGt CCATTACCCA GCTAAGCCCC	780
	AAAAGGTTAA TGTAACAGCT AAGGCTAAAT CAGCTGTAAT ATCAGCCGAA TAGGGGTGAT	840
30	GAAATGAGTT TAGAAGAAk TAAATTGTGG TTGAGAATTG ACTATAATTT CGAAAATGAT	900
	TTAATTGAAG GTCTCATTCA ATCGGCTAAG TCTGAATTAC TATTAAGTGG GGTnCCAGAT	960
	TATGACAAAG ATGACTTGGA ATACCCGCTT TTTTGTACAG CGATTAAATA TATCATTGCA	1020
35	AGAGATTATG AAAGTCGTGG ATACTCAAAT GACCAATCTA GAAGCAAGGT GTTAAATGAA	1080
	AAAGGATTGC AAAAAATGAn TTTGAAATTA AAAAGTGGT AGGTGATTTT TAAATGGAAT	1140
40	TTAATGAATT TAAAGATCGC GCGTATnTTT	1170

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 594:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                             |
|----|-----------------------------|
| 45 | (A) LENGTH: 1393 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid      |
|    | (C) STRANDEDNESS: double    |
|    | (D) TOPOLOGY: linear        |

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 594:

50	TGAAGGGTGT TTTGTTTATG GCCAATTGCT GTGTTATTAA AnCGAATGTT TCGAATGGAA	60
----	---	----

55

ATCATTCCGG AAGAGGACAT GTCTTCAGCT TCTGATTGGA AAGCACAGTT TTATCGCGGT 180  
 ACTTTGCAGC GCTTTTACCA AtCnTTGCAC GCAGAAAAGC TTACACCTTA TGTATGTCT 240  
 5 TATGACGATA TCATTTTATT TTGTAAAGAA AACAAATATCT CTGAAGTAGT GACTGCGGGT 300  
 GATATTATGA GTTATCATCT TGAAGAATAT GATATTTTAC ATCAACGTTT TTTATTCAAT 360  
 GAAGCACGCA TTGCCGTTAC TTTGATACGT GGAATCATT ACTTTAAAGC GAGTAAACA 420  
 10 ATGAATCAAC AAGGGGAGCC ATACAATGTT TTTACTAGTT TCTATAAAAA ATGGCGACCT 480  
 TACTTGAGGC ATAGAGACGT ATATCACTAT GATTTAAAAAT CATTGAAAA CTTTGTCTATT 540  
 GCATCACCTG ATGATTTAGT GTTTGATGAC ATAGCATTTG GATCCTCACA aATAATTGAA 600  
 15 CAGatAAATG GCAACATTTT TTAGATCAAG ATATACAGAA TTACGAAAGC GGAAGAGACT 660  
 ATTTACCTGA AGTATTAACA AGTCAGCTAA GTGTTGCTTT AGCATATGGA TTATTAGATA 720  
 20 TTATTGAAAT TTTTAATGAT TTATTGGCGC GTTATGATGA AGATGAGGCA AACTATGAAG 780  
 CATTTATACG TGAACTCATT TTTAGAGAAT TTTATTATGT GTTAATGACA CAGTATCCTG 840  
 AAACCTCATA CCAAGCTTTC AAACCTAAAT ATCGACAGAT AAAATGGTCG CAAAATGAAG 900  
 25 CGGATTTTAA TGCATGGTGC GAAGGGCAAA CAGGATTTCC AATCATTGAT GCAGCAATAA 960  
 TGAATTGAC ACAAACTGGT TTTATGCATA ATCGAATGAG AATGGTTGTG TCGCAATTTT 1020  
 TAACCAAAGA TTTATTTATA GATTGGACAT GGGGAGAAAA ATTCTTTAGA AAGCACCTTA 1080  
 30 TTGACTATGA TGCAGCATCA AATATTCATG GATGGCAATG GTCTGCTTCT ACAGGTACGG 1140  
 ATGCAGTGCC GTATTTTAGA ATGTTTAATC CAATAAGACA GAGTGAACGC TTTGATGCTA 1200  
 AAGCTTTGTA TATCAAAACA TATCTTCCGA TTTTAAATCA AATTGATGCA AAATATTGTC 1260  
 35 ATGATACACA ACGCAATGAG TCCAACCTTT TTGAACAGGG GATTGAATTA GGTAGTCATT 1320  
 ATCCAAGACA AATGGTAGAT CATCAAGAAA AACGTACACA AGTTTTAGCT ACATTTAAAG 1380  
 40 CGCTAGACTA ATT 1393

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 595:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1484 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 595:

TTAACTTGAA AGATTTCCTCC GACATCTATA ACTTGTATAA TGTGTATATG TCGTTTTTAG 60

	AAAAATTAAA AAAAGAATAT CTTGATTGGT ATAATCAGAC CTTAGAGTTT TCTAATTTAT	180
	CAAACAATGT AGTAAGWATA GATACTCCTT TTAAAGATAA TTCTTTAGAT AATTTAATAA	240
5	TTTACGCTTT ATACGATCAG TCCAGAGACA TGATTACACT GACAGATGAC GGCTATACTA	300
	TATtTGATTT AGAAAATAAT GGTATTTCTT TAAATAAATC AAAAAAACGT AAAAAGATTT	360
	TTGAAGAGCA CCTTTCAGCT TACGGTATTA AATATAACGA TAAAACTCAC GAAATTTTTG	420
10	TTCAAACATAA CTTTAAAAAT TTTAATAAAT CGAAACATAA TTTATTACAG TGCCTTATAT	480
	TTGTTAATGA TATGTACTTA CTTTCTAATC CTAAGTCACA GAACATATTT ACAGAAGATG	540
	TTGCAAACAA ATTGGATGAA CATAACATTT ATTACGGAAG AGATTTACCT ATTATAGGAA	600
15	GCAGTGGTGT TGTTTATAAT TTCGACTTTT TTATTAGCGC TAAGAAAAAT CAAAAAGAAA	660
	AATTTATCAA TGCTATTTCT AACCTAATA ATTCTATGAT TATTAAGTCG AAAATAACGG	720
20	ATGCTATGCA AGCAAAAAAA ATAAAAAGAC ACAGGCCAAA TGAGTTTATT TTTATTTTAA	780
	ATGACTCAAA AAAAGAAATA AATGAACATA ATAAAAATCT TCTTCATGAA AACTATATTA	840
	GTACAATAGA TTATAGCGAA TTAGATGAAA AGATAGGTTT ATTGATTTAA TATATATAGA	900
25	CGTGATAATA TCAATGTTTA TATTAAATGA AACGAATTTG AAAATTTCTGA AACAGCTTAA	960
	GATAGCAAAT TGAATAGCCT TATTGATAAT GCAGAATCGT CTACACTTAG TTGAACAAAT	1020
	TCTATGAGAA TAGATATTGT TAAACTATTT GGGTAGGCGA TTTTATTTTG ACAAGAGTCA	1080
30	GAAGATTATT TAGTTCATAG TTTAAGTTAC AAATGGCTAA ACTTTATGAA AATGGTATGA	1140
	CTAGAATCGA AATTATACTC GAATACGATT TAACACTCTC AATCTTCTCG AACTGAATAA	1200
	ATACTGGGTC ATTCAATCAT CAAGACAACT TAATAAGTGA TGATAAATGT TCATACCATT	1260
35	TTGCAAATAT AACCAGATAC TCTCAACAAA ATGTAGAGTT CAAAATTAAA AATGTCCCTA	1320
	ATTGGCACAT TGCTGTATGA TAATAAATTC AACTTAGATT TCAACAATAT AACTAATGAT	1380
40	GCTTATATTT ACCGCGATAT CAAACCAAAC AGCCCATCCA CAAACAAATT AGAATATATC	1440
	mTGTTAATAA TAGTAAATGA TATATCTTCC AAAGACCGCA AACT	1484

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 596:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1435 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 596:

	CTTTATCaTT AAATGCCaTT TTGaATCCTT CTTGAATTG TTTGATTTC TTTTCAGTAT	120
	TATTAACCTT GTTCAAGACA GTGCCATTAA TTTTCTTCTT GAGTGGACCA ACCTCATCTT	180
5	TATTAGTTGA TTCATGAATC GTTAATCCAA TGTGTGGCTG TATTCTATAA CCATCATTCG	240
	CTATAGTTGA AACATATTGT GaTAATTGTA ATGGTGTATA GGTATCATAT TGACCAATTG	300
	ATAAATCTAG ATAATTACCT GGATTATTTG TTAATGGTTC GATTTGACCT CTTGTTTCAT	360
10	TTGGTAAATC TATCCCTGTT TTCACACCTA AGCCTACTTG ATTTAATCCT CTTCTTAGCT	420
	TTTGGGCAGG TGAAC TTATG TCTGAAGGTA AAGCCATACC AGAATAATAA GGGTCTCCCG	480
15	CTAATTTTAA TGCTGTTTTA AACATATATA CGTTTGATGA ATGCATCAA GCTTGCTTAT	540
	CATTAATAGT TACATGCCCCG TTTTATTGA AGTATGATCG TTTTGTCAA CCACCTTGGA	600
	AATGTAATGG TTCATCGACC ATTGTTTCTC CAACTTTGAT AGCTTTATTC TGATAACCGG	660
20	CTAATAATGT TCCACCTTTT ACAGAAGATC CAACCGCAA TTGAGAAGTA AACGTACCAA	720
	TGTCATAATC AGTCATTTTA CCACTCTTAT TAATCTGCTT TCCGGCAAGC GCAAGAATGT	780
	CTCCATTTTT AGGATTTTGT ACAACCATCA TTGcATTATC CATATCTTTG GCACCTTGAC	840
25	TGCGAsTTCT TAATTTGTTT ATCTAATAAT GCTTCTACTT CTTTTTGAAG ATCTATATCG	900
	ATCGTTAATT TCAAATCTTG ACCGCGAGCG CCAGG-TTTA ACACTTCTGA AGATGTAAct	960
	TTACCAGATT TGTCCGTTGT GTATTTcATT TCTTCTTCT TACCACGcAA TACATCTTCA	1020
30	TATTGATATT CTAGGTAAGA TTTTCCAACA CGATCATTCG GTGAATATCC TTTGGATAAG	1080
	TAATGTTCTG TCAATTC TTT TGGaATACCT TCAGCAGGTG TCGATACATC TCCGAATATA	1140
	CCTCTTAAAG TATCGCCATA TGGATATTTT CTATCCCAAT CCATAGACGT GTTAACACCT	1200
35	GGTAATTTGG AAAGTTGCTG AGAAACTGCT GCATACTCTT TTTCAC TGAC ATCTTCATTT	1260
	TTTATCATTT GTGGATCTAA AACTGTTCTT GGCATTcATC TCTCGAAAA TAGCTAAAC	1320
40	TTGGTAAATC TTTAGAAGAC AATTCATCTA ATTGTGGATT TTCCGGATTT CGGATAACAG	1380
	TTGGTnTATC CATAATGGAT CCTGGTTTTAA TACCTTCCAn CnGGCGAACA TAGCC	1435

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 597:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 516 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 597:

55

AGAAAAAGAT TTAGAAAAGA TTACCATTCTG CGACATAACA ACACGCGCTG ATATCAATAG 120  
 AGGGACATTT TACTTACATT ACGAGGATAA ATATATGTGA CTCGCAGATA TGGAAGATGA 180  
 5 GTATATTTCA GAACTAACGA CATATACTCA ATTTGATTTG TTACGCGGTT CTTCArTTGA 240  
 AGACATTGCG AATACTTTTG TAAATAATAT ACTCAAAAAT ATTTTCCAAC ATATTCATGA 300  
 10 TAATTTAGAG TTTTATCATA CTATTTTACA ATTGGAACGC ACGAGTCAAT TAGAATTGAA 360  
 AATCAACGAA CATATTAAAA ATAATATGCA ACGTTACATT AGTATCAATC ATTCTATCGG 420  
 AGGCGTTCCA GAGATGTATT TTTACAGTTA CGTTTCCGGA GCAACAATTT CaATTAnnTA 480  
 15 AATACTGGGG TAATGGACAA ACAGCCCATT TTCAGT 516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1955 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 598:

AGTACTTTAC CATGAGGTAA GACTTTATTC CCTGCTTTTA TAGATTGTGC TTTTATTTGT 60  
 GTGCCAGAAC CAATAGtAct GGTcTAATGA TTTTGCACTC ACATTATCAA TAGCTTTTTG 120  
 30 TTTGTCTTGA CCTTCAACAT CTGGCACTTT ACTATACTCT GCATTAGATG TGTCATCTTT 180  
 TGATTTACCT ACATTTAAAT ATTTCAAAGT ATTTTCCATT ATTGGTTTAA ACGCTTTACT 240  
 35 AACACCTAAT TCATAAGCTT CTGGGTCAAT TTTTGTGACC AAGCTCATAC CAGCGTATAC 300  
 AATAACTTTA GGATTTTTCT TCGGCGCGTC ACCCATAAAA CTTACAAAAT ATGGGTTTGG 360  
 ACCTTTAACG TATCCACCAC CATTAGGTGC AGCGACTTGT GCTGTACCAG TCTTACCTTC 420  
 40 GACCTCATAA CCATCAATAC GATAGTTTGC AGCGTGACTC TTCTTACTAT TCACAACATA 480  
 ATCCAATTGC TTTTCAACTT TTTCAGCAGT ATCTTTTGTT ATTGTTTGC CTGCGATTTG 540  
 TTTTGGCCCT TTATAAAAT GTCTTTTACT AACAGGATTT TCAACGCTAT TCACAAACCA 600  
 45 TGGTTTAAAC ATATTACCAT CATTAAAGAA CGCTGATTGC GCTTGTAACA TTTGAACAGG 660  
 TGTACTGTT GTCGATTGAC CAAATGATGA CGTTTTTTGt TGCAACTCAT TACTCCATCC 720  
 AATTTGaCCA GGTGCTTCTC CATCAAACAT ACCTTTAGTT GaTTTTCCaA ATCCaAATCG 780  
 50 TTCATACCAA GATTTCAATTT TGTCTGCACC AACTAAATCT TGTAATGCA TCATCAATGT 840  
 ATTAGATGAA TAAGTAAATC CGAGTGACAT TGGGATTTCA CCCCACCAG CTCTATTCCA 900

AAAAGCACCT TCTTGAATAG CAGCTGCTAA CCCATATGAT TTAAATGTTG ATCCAGGCTC 1020  
 GTATGTGTTT TGATAAAGGT CATTGCCCCA CTTTTTACCA AAGTCTTTAC CAGTTTCAGG 1080  
 5 ATTAAATGTT GGTCGCTGAC TGTATGcTAA AATTTCTCCA GTTTTGGCAT CCATGACAAC 1140  
 CGCAAATAAA TCTTTCGGCT GGTATCTTTC AACCATGCCA TCTAAAGCTT CTTCAACAAA 1200  
 10 TACTTGAATA TTTGAATCGA TTGTTAAATG GACATCATCA CCACGTTTAG GCTGCTTCTC 1260  
 TTTTTTAGTA TTTGGTGCGA TATATCCCCA AATATCATGA ATATATCTCA ATGATCCTTT 1320  
 AGATCCACTT AAATAACTAT CAAAAATCTT TTCAACTCCA AGTGCACCTT TAAGTTCACC 1380  
 15 AGTATCCGGA TTTTTCTGAG CTCTACCAAT TAAGTGTGAT GCAAAATTGC CATTGGATA 1440  
 AAAGCGTTCT GTTTCAGGCA ATAAAGAAAT ACCAGGCAAA TTCATTTTCT CTATTTTCAA 1500  
 TTTGTCCTGA TACGTTAAAT TTGTTCCCTT GCGTCCAAAT TCAATTTGGA AAGCTTTCTT 1560  
 20 TTGACTAAGT CTCTTTTCAA TTTCTCTGG CTTTCATATTA ATGACTGTAG ATAATTTCTT 1620  
 TGCAGTCTCT TTTTTATCAA CTACATGCCT AGGTTTTTTA GAATTGGCAC TCGCCTTTTT 1680  
 ATCTATTACT GCAACAAGTT TATATCTTTC TACATCTTCT GCTAGCACTT TACCATkACG 1740  
 25 ATCATATATC TTTCTCTGTT CTGGTTGTTG TGCAITCTTA ACTAAATACT TTTCATTTGC 1800  
 CTTCATGACT AAATCTTGAC CATTAGAATG TCCAGTAATC ATGATATATG AAATTCITTAA 1860  
 AACCAATATA AAAAAGAGCA GTCCGAATAA ACCAACAAGT AGGACTGCCC CTATTTTATT 1920  
 30 TTTTTTAATT TTAATTTTTT TGGTCGCCAT TACTA 1955

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 599:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 704 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 599:

TAGCAAGAGT AGGTGATAAC AGTTCTTTTA ACGTGTTTGC TGCTTGCTCA TTTCTTGCT 60  
 45 CATTGTAGAC TAAAATATAA TAAGCGTTTT CAAATAAGTG CTTTTTAGCA TTTAGTACAC 120  
 CAGATTTATG ACTACCAGCC ATTGGATGAC CACTGACTAA ATGAATATTA TGCTTTAATA 180  
 AATTGCATTC GTGTTGCTGT ATCATTGCTT TAGTACTACC AGTATCAGAA ACAATAACAC 240  
 50 CAGGTTTAGT TGGCATATCT ATAAGCTCGC TAAGATATTT ATTTGTGATA GCAACAGGTG 300  
 TTGCATAAAT AATTACATCG GCTTTTTTAA TAGCTTCACT ATAATTTAAA CATTTTTCAT 360

55

TATTAGTATT AGGGTTATGG TATTTTATAT TGCTAGCAAG ACTTCCACCA ATTAATCCAA 480  
 5 GCCCAACAAA TAAAACTGTT GTCATATAAA TCACCTTATT TCGAAATTTT CAGAATAATA 540  
 ACATTGTAAA TGAGCTGTTG ACACAGTGCA ATAGTAAATA AAAATCGATA ATAGCATTAA 600  
 TAGATAAACG GAGATAAATC ATCTACAATA AAGAGTATAG TAACACAATG GCAACGGAGG 660  
 10 GGTAAATCAA TGAACCAAT ATTAGAAATG ATCAAACAT TAAC 704

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 600:

CCTCTAAAGG ATCACGAACC TTTTTCATCG TGACTAAGCC TATAATACCC TTAAAcCTAT 60  
 TATTATTAAC TTTTACCTCT GTGTATTCCC TATCAATTAG GCGACGCCAG TGACGTTTAT 120  
 25 CTATATACTT TACTTTCACA GTCACCAACT CCTTGTCATT ATTATATAAA ACTACATAAA 180  
 TGATGTCATG TCATGATACA GTTTTATAGT TTTTGTTAAT CATATGAAAA TATTTATTAT 240  
 TATTTTACTA CAACTCGCTT CAATTTACTT AAAATAGACA ATATTAATTA GATAGTACAC 300  
 30 ACATTTCTTC ATAAAAGTGA TTTTTCAAAA ATATAAATAA CAACTCTTA TCGTTTTCAA 360  
 AATCATTTAA TGCTATTTTC ATTAAAAACA GCTGAAGCAT CAAATCTATT CTGATTCAAT 420  
 35 CAAGAATACA TATAAAAATG AAGTGACTCA AAGGTTTATT AACACCTTC AAACCACTTC 480  
 ATTGATCACT TTTATTTTAA AGCATATTTT TCGATTACTG ATTTAAGATG CGGATATTGC 540  
 GTAATTAATT CAGATTGCTT AAACAATTCA AACTGCTTAA ACTCAAATGC CGGTTGACAC 600  
 40 ATACAACCTA CTAAACTAAA AGTATTTGAT ATTCGATTG AAGAAGCAAA AATTGTTTCCT 660  
 TTAGGCACTA CATATTGCAA TACATCTCCA TTTTGGATAT CAGTACCCAA TGTTCAGTC 720  
 GTATATTCCC CATCCGGATT TATCATATGA ATTGTTAGAG AATCGCCAGC ATGATAGTAC 780  
 45 CATACTTCAT CAGCATCAAT TCGATGAAAA TCGGAAATAT TGTCATCTGT AAGTAAAAAA 840  
 TAAATACTAC TAAACGGCGC TCTGCGTCCA TCTTTCAATA CTTCTCGAAT TGTCTCTCTA 900  
 TAGAAACCAC CTTCAAGGATG TGATTCAAGT TGCAATTcAT CaATCCATTG TTCTGCTGAT 960  
 50 TTCATTATTT CAAATCCACA TTATGGAATA CGTTTTGTAC ATCTTCTAAA TCTTCTAATG 1020  
 CATCGATTAA TTTTTCAAAT GTTACTTGGT CCGCTTCAGA AAGTTCAATA TCTGTTTGAG 1080

GAACGACTGC AAATTGAT

1158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 601:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 827 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 601:

5	TGATACTTAT TTTTCAATAT TATTTGAAT AAATCTTnT AATTGTGGTG TGAAATAAAC	60
15	ACCGAAATTC TTTTCAGATT CATCTTTTcC ACTACCTGCA TATAAAATAC CAATCAGTyC	120
	ATGTTTtagAA TTCAATACAG GAGATCCTGA ATTACCTGGT TGTGCATACG CATCAAATTC	180
20	CATAAACGTT CCACTGATAT GGTTAATCGT TCCTGTCGAT TCAAACATTT TATATTTTGT	240
	TTGTGCACCC TTTGGATAAC CAATAACAGA AATTCTATCT TTCACTTTTG CTCCGTCTGC	300
	AAATTTTGTA TAACTAACGT TCTTATTAAA ATTCAAACCT TCTGTACTTG TTTCATGAAC	360
25	ATGAACTATC GCAAGGTCTT CTTTCCGGG ATATTCTACA ATGTCTTTAA CGTCGTAGTT	420
	TCCTCCGCCT TTACCTTTAC TCGAATGATG TGCTGATACT CTATTTTTTAA AAATATCATT	480
	ACTTTTtagCG ATATGTTTGT TAGTTACGAT TGTATTTTtA CCAACAActA CACCAGTACC	540
30	ACCCACAAAT GCTACCACTG aATTGTATGG TTCCTTAGTT GCATCGGTAA TTTCTTTGAC	600
	ATTCTTTTCT GCTTTGGCAA TTGAATGARg CTGATTAGAA ATATTTTCAG CAAAACCAAG	660
	AGATGTTAAA ATAGTTAAAG CAGTTAAACC TTTAACCATT ACATTTTTAT TCATATTTTA	720
35	CCTCCTTCCA AATTTATTTT nATAGTTAAT GTATCTAGAT ACACATTTAC TATATACATT	780
	TTAAATAAAA ATATTnATTA AATATTAATT AACCACCTAT nAACGTT	827

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 602:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 602:

50	nGGnACGTAA AGTATTTATG TTAAATGGCA nAAATATATG AATGATGAGT TACCTGGATT	60
	ACCAATGTTC CAAGGTAAAT CGATAACTAT TGTTAACGAT AAAGTACGAA ACTTAGACAT	120

CGACGATTTT GTCCAGGTTT ACTTATATGG GGGGATGTTA TGAATAATGT ATTGTTAGAG 240  
 GTTAAAGATT TAGAAACATC ATTAAAAATA AATAATGAAT GGTTAGCAAC TGTGAAAAT 300  
 5 ATTTCTTTTG AATTATCTAA AGGAGAAGTT TTGGGTATAG TAGGGGAATC TGGTTGCGGT 360  
 AAGTCCATAT TAAGTAAGTC AATTATTAAA TTATTACCAG AAAAGATATC TAACTAAGT 420  
 10 AATGGAGAAG TTATATTTGA TGGTAAACGA ATCGATACGC TCAATGAGAA GCAATTGCTA 480  
 GATATTCGAG GAAATGATAT TGCTATGATT TTTCAAGAAC CTATGACTGC TTTAAATCCT 540  
 GTATTTACCA TAAAAAATCA ACTTGTGGAA TCTATAAAAT CACATAAAAA AATTTCTAAA 600  
 15 AAAGAAGCAA ATAAATTAGC AAAAGATTTA CTAAAAAAG TTGGAATTGC TAGACAAGAT 660  
 GAAATATTAA ATAGCTATCC TCATCAATTA TCTGGTGGTA TGAGACAAAG AGTAATGATT 720  
 20 GCAATGGCCA TTTCATGTTT TCcTAAATTA TTAATTGCTG aTGAACCTAC AACAGCATTG 780  
 GATGTCACGA TTCAAG 796

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 603:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1618 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 603:

GGATGTGTTT ATCCCAAATT GaAaCagAaA TTTATGATCA AatGATGTGG ATTGGTTTTA 60  
 35 AaCCATTCAa AATTaCCAAT ATTamaCAAG AATCTGAAGA CATTAAATCA TTTtACAGTT 120  
 GAAACTGAAG AATATGACTT TAGTGAATTT ACACCAGGCC AATACATCAC AGTTGATGTT 180  
 40 TCTAGTGATA AACTTCCATA TAGAGCTAAA CGTCACTATT CTATCGTATC AGGTGAAAAA 240  
 AACCATTTAA CTTTTGGCGT TAAACGTGAT GTCACAACAG AACATGAAGG CGAAGTTTCA 300  
 ACAATTTTAC ACGATGAGAT TAAAGAAGGC GATATGATTA ATTTAsTGCG CCTGTAGGTG 360  
 45 GATTCGTATT AGAGAATACG ACTGAACCAC AACTTTTCTT AGGTTcAGGT ATTGGTGTTA 420  
 CACCTTTAGT AGCTATGTAT GAAGCTGCCT CTGCCAAAGG TTTAGATACA CAGATGGTTC 480  
 50 AAGTTGCTGA AAATGAACAA CATTtACCTT TCAAAGACAA CTTCAACAGT ATCGCAAGCC 540  
 ATCATGACAA CGCTAAATTA TATACACACT TAnAgATAAA CAAGGCTATA TTGGTGCTGA 600  
 AGAATTACAA GTATTTTtAG CAAATAAACC TGAAATTTAT ATCTGTGGTG GTACAAAATT 660  
 55 CTTACaAtCT ATGATCGAAG CACTTAAATC TTTAAATTAC GATATGGATC GCGTACACTA 720

ATATGAAACT TAATCAACGT TACGTAAAAG TATTTGCATT ATATTTTCGTA AGTATTGTTA 840  
 CTGCAAATAT TATTGTTAAA AATAATAATT TAATTAAAAC AtTGATACAA ACCATAGCCG 900  
 5 GGTACACGGT CTTTGCAGTT GGTTTGAAGT ATTTAACTAA ACGTAAAAAT AAATGACATC 960  
 TATACCAAAA CAGCTATGAC TTTACTTTGT CATGGCTGTT TTTTAATTGG GAGTAGGACA 1020  
 10 GAGATGATAT TTTCGCAAAA TTTATTTGGT CGTCCCACCA CAACATGCAT TGATGTATGC 1080  
 TCACTGAATT TCATAAGAAA GGAGTTCACA AGATGACCGT AGATATTGGA CGGATTTATG 1140  
 ACAATAAAGA TAATACCGAC GCTATTCGTA TCCTAGTCGA TAGAGTCTGG CCGAGAGGTA 1200  
 15 TTTCGAAAAG AACTGCTAAC CTAGATTATT GGTAAAAGA CATTGCCCCCT TCTACTGAGT 1260  
 TGCGACAATG GTTCCAACAT GATCCTAAAC TTTTGGAGC TTTTAAAGAA AAATATGAAA 1320  
 AAGAATTACG TGATCAGGAT GCGCAAAAAG ATGCTTTTGA AAAATTAAAG GATATTGTAA 1380  
 20 ATCAGCATAA TCATGTTCTA TTGTTATATG CAGCAAAAGA TACTAAACAT AACCAAGCTG 1440  
 TAGTACTACA GCAGTTGCTC AATACTTAGT TATATATGTT TATCGTGAAT CACTATAAAT 1500  
 25 GTCGCTAACT TCATTTCTAA TATTTATTTT TAAAAAGCAT AATTACTACA ATTAATTGGA 1560  
 ACTTTAATAA TTAATAAACT TGGAACAATA TTTTACTTTA ACAAATAAA GTTTTAAA 1618

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 604:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2115 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 604:

40 ATTATAATGC AAATATTGAA GCATTTAAAA CAGTCGCTAA AGCAGTAGGC AAAGAGAAAG 60  
 AAGGCGAGAA GCGTCTGGAA AAGCATGATA AAATATTAGC GGAGATTAGA AAGAAAATTG 120  
 AACAGAGTAC GTTAAAAATCT GCATTTGCAT TCGGTATCTC AAGAGCAGGT ATGTTTATTA 180  
 45 ATAATGAAGA TACATTTATG GGACAATTCT TAATTAAAAT GGGTATTCAA CCTGAAGtca 240  
 mAAAArAmAA AACTACGCAT GTTGGTGAAC GCAAGGGTGG TCCTTATATA TATTTAAATA 300  
 ATGAAGAACT TGCCAATATC AATCCAAAAG TTATGATTTT AGCCACTGAC GGAAAAACGG 360  
 50 ACAAAAATAG AACGAAATTC ATTGATCCTG CAGTTTGGAA ATCATTAAAA GCTGTGAAAG 420  
 ATAACAAAGT TTATGACGTT GACCGAAATA AGTGTTGAA ATCAAGGGGG ATTATCGCAA 480  
 55 GTGAAAGTAT GGCAGAAGAT TTAGAAAAAA TTGCAGAAAA AGCAAAATAA AAATACAGCG 540

	TGTGATGATT TACCTGAAAG TTTATTTCTGA ATAAATTTAA TTACATAACC GACAAGGATT	660
	GTTTTAACAG TTCTTTTAAT GAATTGGCGC ATCGTTACAT ACCTCATTTT TCTATATCTT	720
5	ACGAACTATA TACCCATTCA TATATGCTTT TTAACGTCA TTGTCACAAT TTAATTTTTTA	780
	GGGAATATAA TATAACCATC TTTATCTGCT TTTTGTAGTAA AAATGACAAA AATTGCATGT	840
10	ATTATTGaGA TGATGGTAGG GATACCTGTC CAGAAAAATA ATAAGTGAAA AAGACCTTGT	900
	CCAAATTTAT CAGCATAAAA TTTATGaATA CCTAACCTC CAAGAAATAA TGCAACmATa	960
	ACATAAATGG CTTTATTGAC TTTCATTTGT AAtCCTCCTT AACTATAATT CTA CTTAAT	1020
15	TCGTTGTGAA AACCAATATT TCTAACTTTA GAATTTTCAA ACTTTCTAAA ATTATAAGTA	1080
	TATCTTTTTTA AAATAAGCTA GAATTTCTAT ATAATAAATG TTAATAACGT AAAAGGGAAT	1140
	GATGACATAG TGATACGTCA AGCACGTCCA GAGGACCGAT TTGATATTGC GAAGTTAGTT	1200
20	TATATGGTTT GGGATGATAT GGAATTAGAA TTGGTAAAGC ATCTACCTAA AGACATGGTA	1260
	TTAGATGCAA TTGAAAAAAG CTGTGTTGAT GCAACATATC GAACTTTTTTA TCAGCATATT	1320
25	TTAGTTTATG AAGTAGAAAA TAAAGTAGCA GGTTGTATTA TTAGCTATAG TGGTGAAAAT	1380
	GAATTGAAAT ACGAAAAAGC ATGGGAACTA CTTGACTTGC CAGAAAAAAT AAAACAATAT	1440
	GGCACGCCAT TACCTGTAAA AGAAGCTAAA GACGATGAGT ATTATATAGA AACAAATTGCG	1500
30	ACATTTGCAG CATATAGAGG TAGAGGCATC GCGACAAAGT TATTAACGTC ATTACTTGAA	1560
	TCAAATACAC ATGTTAAATG GAGTTTGAAT TGCGATATTA ATAATGAAGC AGCATTAAAG	1620
	TTATATAAAA AAGTAGGCTT TATATCTGAT GGACAGATTG AATTATACAA GCACATGTAT	1680
35	CATCATTTAA TTGTTAAATA AAATACTCGA CAGTTCGATG TAAGTCGATT GCCGAGTAGT	1740
	ATCATTTTCT ATTAAATGCC TGCAAATAAT GCACTAATAT AAATACCTAA TGCATATAAT	1800
40	AAACCGAAAA ATGTATTTGT TTTACCAGCA GCAGCCATTG CTGGCATCAT TGTAGGCGGT	1860
	GTATCATTCT TCTTGAAACG TCTGATAACT TTAACAGGCA TTGGGAATGA TAACAACGCA	1920
	AGTAAGTAAA ATAATGAGCC ACCAGGTTTA ATAATGATCG TAAGTACAAT AAAGGCATAA	1980
45	GCGATAAAGT ACATGATTGC CATAAATGTT AAAGAAGCAT TTTTACCTAA TAGAATGGGT	2040
	AAAGTTTTGC GACCACTTGC TTTATCTTTG ACACGGTCGC GAATATTGTT AGCCATATTA	2100
	ATTAAACCGA TAGTG	2115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 605:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1003 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 605:

5	TATGTCTCAA ACTCAAATTA ATCAAATGTT CCAGCAGAAA AACATGTCTA CTGAATTAAA	60
	ACGTCGTTAT GCACAACGTT TATTACAGTT TCCACATGTA CACAATAAAG AATACTTGAA	120
	ATCTTATGCT AAAAACCCTA AAGAACTAA AGATAGTTAT ATTTCTGGTT TTAAAGAGAA	180
10	TCAATTGATT AAAATAGAAG CGATTAAATC ATTGTTTGCA ATGGATAAAT CTCCATTAGA	240
	ACATGTTAAA CCTGCTACAA AACCAGACGC TTCTTGGGAT GAGATGAAAC AAAAAGCAGT	300
	TGAAATTGGT AAAGCTGATA CTACATCGAA TAAATTTGGT ATTAGAGATC AATACTGGAA	360
15	ATTAATTCAA GAAAGTAAGC GTAAAGTTAG ACGTGACTAC GAATTCAATG TTAATTCCTC	420
	AGAATTCCAA GATTTAGAAT TACTTGTAAG AACAAATGCGT GCTGCTGGTG CAGATGTTCA	480
20	ATATGTAAGT ATTCCATCAA ACGGTGTATG GTATGACCAC ATTGGTATCG ATAAAGAACG	540
	TCGTCAAGCA GTTTATAAAA AAATCCATTC TACTGTTGTA GATAATGGTG GTAAATTTA	600
	CGATATGACT GATAAAGATT ATGAAAAATA TGTTCATCAGT GATGCCGTAC ACATCGGTTG	660
25	GAAaGGTtGG GTTTATATGG ATGAGCmAAT TGCGAAACAT ATGAAAGGTG AACCACAACC	720
	TGAAGTAGAT AAACCTAAAA nTTAAAAATAC AAATAGCACA TAACTCAACG ATTTTGATTG	780
	AGCGTATGTG CTATTTTAT ATTTTAAATT TCATAGAATA GAATAGTAAT ATGTGCTTGG	840
30	ATATGTGGCA ATAATAAAAT AATTAATCAG ATAAaTAGTA TAAATAACT TTCCCATCAG	900
	TCCAATTTGA CAGCGAAAAA AGACAGGTAA TAACTGATTA TAAATAATTC AGTATTCCTG	960
35	TCTTTGTTGT TATTCATAAT ATGTTCTGTT AACTTAATAT CTT	1003

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 606:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40	(A) LENGTH: 1097 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 606:

	GCTnTTATAT TTAAAAAATT TATThGCGGA TAATTACCTT TATTAAATCC CACCCATTAG	60
50	GAwTaCGAGT AATAGGACTA ATACTGGAAT CACATAATGT AACATAACGT CCCTCCTTTA	120
	ACTTAATTTT AATTGTAATC AAATTTGACA ATAAGTCAAA mCATTAAATAC CTATGATArG	180
	TATCATTTAT TAACATATGT ATCATATTTT TAATCTTGCG TAATTTTTAT CGTTAACTAT	240

55

CTTTTGTTCAT TTTAATTATG TTAAGATAAT AGTAGTTATA GAAGTTCAAT CTATAGGAGG 360  
 CATAGCATGG ATATTCCAAA AATCAGGACA TTTTAAATGT TTAATAACCA AGCTGAAGAA 420  
 5 GCTGTAAAC TATACACAAG CTTATTTGAA GATAGTGAGA TTATAACAAT GGCTAAGTAT 480  
 GGTGAAAATG GACCTGGTGA TCCCGGGACT GTACAACACT CAATATTTAC ATTAAATGGA 540  
 10 CAAGTATTCA TGGCGATTGA TGCTAATAGT GGCACAGAAT TACCAATGAA TCCTGCGATT 600  
 TCATTATTTG TTACAGTAAA AGATACTATT GAAATGGAAC GACTATTTAA TGGATTAAAA 660  
 GATGAAGGTG CCATTTTAAT GCCAAAAACG AATATGCCAC CATAAGAGA GTTTGCTTGG 720  
 15 GTTCAAGATA AGTTTGGAGT AAGTTTTCAT TTAGCATTAC CTGaGTAAAA GGATTGCGAC 780  
 AGCTTGgAAT GATAAAGAAA CACTTTTTCT TATGCATGCG TTTTACCTAT GTATTTCTAT 840  
 TTAAAGTACA CATTAGCATT TTAGTTTCGC TCATTTTTAA AATCACAAAG ATAATTTGTA 900  
 20 ACTTAAATGA TGATACGTTA TTTAAAAACA CGATACTTCG TTTCAATGAA CGCATTAAAT 960  
 AATAAATAAA CACCTCACCA TAAGAAAGGA CTACTTTCTT TTGTGAGGTG TTTatTTGTC 1020  
 25 GACAACTTGA TTATGATTGT TTCATTTTTT GAATAAGTTC ATAATCAGGT GTAGCATACA 1080  
 AAGTTTTTTG ATTGTCA 1097

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 607:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2031 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 607:

40 GAGGTCTAGC ATGTCTCGTT CAAAAAATA CTTTACTTA TCTAGCTTAA TGATTATTTT 60  
 AAGCTTTTTT TTAATACAA ATAACGTTTT CCTAAGTGA CTTTTTAATT CTTTATTAA 120  
 ATTAATACTT TTCTGCAGTG TTATTAAGTC AATTGTACTA ATTTTGTCTA TAATTTTGC 180  
 45 AGATCGTTCA ATTAAATCAC TAAAGCCTGA TGCAGATTGG ATTAGAATTG CGAGTAAAAG 240  
 TTTGCCTTGG aTTATTCTAA TTGTTATTTT AGTACATATC TTTTCAATTG TTCGTACATT 300  
 CGTTTTTATT TAAAAAGTT AATATGTCAT TGTAGCCTTA ATACAAAACA ATACAATGTA 360  
 50 TCATGCTATA ATGAGTAAAA CAATTTGATA ACGTTGTTGC GTATAAAAAA TATTAGATTT 420  
 TCGAAATCAT AACTATGCAT CTAATCGCTA TAGTTATACA ACAAGATATA ACATATAATG 480  
 55 AGGTTTGATA ATGCATCGAC AATTTTGTG GTCGCGTTGC CAAACCTCT TTTTAAATT 540

TTTAGGCGCT TTATTACGTT ACCTCATTTC TTTTCTGAAT ACTGACGGAG GTTTTCCAAT 660  
 CGGAACACTG ATAGCCAATT TGA CTGGTGC CTTTGTAATG GGATTGCTAA CAGCCTTAAC 720  
 5 AATTGCATTT TTTTCAAACC ATCCGACCCT AAAAAAAGCT ATTACGACTG GTTTTCTTGG 780  
 TGCTTTAACG ACTTTTTCAA CATTTCAATT AGAATTAATA CATATGTTTG ATCATCAACA 840  
 10 ATTTATAACT TTACTACTAT ATGCTGTAAC AAGTTATGTC TTTGGTATTT TGTTATGTTA 900  
 CGTCGGTATA AAAGTAGGTG GTGGTTTATC ATGATATCAA TCATTTTAGT CATGATTGGC 960  
 GGCGGTTTTG GCGCAATTGC TAGAAGTGCC ATTACTGATT ATTTTAATCA TAAATTTACT 1020  
 15 TCAAAGTTAC CTATCGCAAC ATTGATAGTA AATCTAGTTG GTAGTTTTTT AATTGGATTA 1080  
 ACTATAGGCT TATCAATTTT AATCTCATGG TTCCCTGCGT TCTTTGTTAC CGGTTTTTTTA 1140  
 GGTGGCTTAA CAACTTTCTC AACGTTAGCC AAAGAACTTA CACTAATGAT GACGCCAAAA 1200  
 20 TTAAATATTA ACCTTTTTCT CAATTATTCA CTTTTACAAT TCATCATTGG ATTTATAGCT 1260  
 TGTTATATTG GCTATCATAT TTAAAAATAA AATGCTTCAT TCAGCAAATA GGTAATTAC 1320  
 GACACCTTCC TGAACGAAGC ATTTTTTAAT TTTCATGCAA ATTTTTAAGC ACCATATAAT 1380  
 25 GCCTACCAAA TTTCAATAAT CTTTGTTGCC GTTTAAATAA TGTGAATGTC AATAAATTCT 1440  
 CCAAAGTAGT CGAAAAATAA GGGAGTGGGA CATAAATCCC TAAAAAACA GCAGTAAGAT 1500  
 30 AATTTTCAAT TAGAAAATAT CTTACTGCTG TTCTCTATTT ATACAATACT TCGTATTGAa 1560  
 TGGcTTCGCT TTCCTAGGGT GCCGTCTCAG CCTCGGcTTC GACTGGCACT GCTCCCTCAG 1620  
 GAGTCTCGCC ATTAATAcTA CGTATTAACA TGTAATTTTA CTTTTACATA CTTTAAAAAA 1680  
 35 TAAGACACTT TGCCCAACTT ACACTACCAA TAGAAACCTC TGTTAGAATT CCTCAAAATG 1740  
 ATATTTTCGCG ATATGTTAAT GAAATTGTTG AAACGATACC TGATAGCGAA TTCGATGAAT 1800  
 TCAGACATCA TCGTGGCGCA ACATCCTATC ATCCAAAAAT GATGTTAAAA ATCATCTTAT 1860  
 40 ATGCATATAC TCAATCTGTA TTTTCTGGTC GAAGAATAGA GAAATTACTT CATGACAGTA 1920  
 TTCGAATGAT GTGGTTAGCT CAAAATCAAA CACCTTCTTA TAAAACTATT AATCGTTTTA 1980  
 45 GAGTGAATCC TAATACTGAT GCGTTAATTG AATCTTTATT TATTCAGTTC C 2031

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 608:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 687 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

TCCCCGGGAA TCGAACCCGC GAnCTCCTGC GTGACATGCA GCGGTGTAA CCGCTACACT 60  
 ACGAGACCTA TTAnATTAAA AACTATGTAT TGCGGGAGGC GGATTGTAAC CACCGACCTT 120  
 5 CGGGTTATGA GCCCGACGAG CTACCGAACT GCTCCATCCC GCGCTAATAT TATTTTGAAT 180  
 TACCTAATTA ATATACCATA ATCAAAAACC TAAAGTsrTG AACTTTTTGA ATTTAATTTA 240  
 10 AATGTTATCT CTAAATAAT TACTTAAATA TCGTAGCAAC ATGTTCTCTG TTGAACACAA 300  
 ATATTAGTAT ATTCATTTTT GTAGTGACG TCAACGACAT TTTCAAAGTT TTTTGTGTAA 360  
 AAAAACGCTT CTTATCCCT TTTATCATAT AAGTGTCTAA TAGTTGTCAT AAATAGTGkT 420  
 15 AAAGCATTTA AAAAGGTATA GGAGTTATAA AGTTTACAAC GCCTATACCT TCTGAAAAAG 480  
 AAATTATAAA AGCTTGTTAC ACCGCATATT CTTTCAGTCA GCGACTACCA ATATAACATT 540  
 GTAGCCCTAA GACATTGCTT GACGCCTCAn TTACAACAAT TTTTCAAAT CAGCAGCTAC 600  
 20 CTACTGACAC AACATAACAC AACCCnTACA CTAnCTATCG TGTCATGTAA TCTTGCATCC 660  
 GATCTTGCAA CGCTGTAAAT GTTTCGA 687

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 609:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 843 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 609:

GTGTTGAATA CTTTGACAAA ATGAAATCAT TTGTTCTTTC GTTTCAAATT TAACTGTTTG 60  
 AATTAAATCA GTTCGTTTTT CGTAGTACTT CGGCGTTGTG TTCATATTCA TTTTTTCTAA 120  
 40 AAATAAACTA GTAAACAATG CACCTTTAAG ACTCTGACTG ACAACGTGTG GTGCTAAAAA 180  
 GAAACCTTGA TACATTTCAA GCAATGCATT TAATGATGCA CCCGCTTCTT TACCAATACC 240  
 AGGTGCTGTC AATCTATAAC CACATCGTTC AATTAAATCT TTTCTACCAG CAATGTATCC 300  
 45 ACCAATCTTA GCTAAACCAC CGCCAGGGTT TTTAATTAAT GATCCTGCTA TTAAATCGGC 360  
 ACCACATTCT ATAGGTTTAC GTCTTTCAAC AAATTCCCCA TAACAGTTAT CCACAAATAT 420  
 TAAAATATTA GGATGCACGT TTTTCAACCT AGTAATTACC TTTTCAATTT CATCTAGCGG 480  
 50 AATTGAAGGT CTTTGATCAT AGCCTTTCGA ACGTTGAATC GCTATTACTT TGGTGCGCTC 540  
 AGAAACCCCa TCTAACACAC TTTCAATATC GATCTTACCT TCTTTAAGTG CAATATCTTT 600  
 55 ATACGATmCG CCATGCTCCA TTAAACTTTC AATACCATT CCGTTTACGC CAATGACTTC 660

ACTTTGTAAT GCAATAGTAA TCGCATGCGT ACCTGAAATA ATTTGCGGAC GAACAATTGC 780  
 ATCTTCTGCT TTAAATGCCT GCGCATATAT TTCTTAATTG AACGAATTTA GAACTAATCG 840  
 TAA 843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 775 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 610:

GATTATTATA AACCGAATGA AACAAAAAG TTTTACATA TTTCAACAA CTTTATTTCA 60  
 ATAAAGCATC AAGTTGATCT AAAGTTTGAT TCATACCTTG TTCAACACCC ATGTTTATGA 120  
 CTTGTTGAGC GGCTTCTTTT GTTGGAATA CCGATGTTGA TGCTACTGTC GTTTTCGTTG 180  
 TATTGCTCTT GGAAAATGAC AAAGTAATTT TCATGCTTGG CATTTTTGTA TCTTTTGCAC 240  
 CTTGAGGTGT CGCAAATGAG TCAATATATT CAATTAAATA TGGACGCTTA ACCGTTTTAT 300  
 ATTCTGCTAA TGTATAGCTG GTCATTGTAG GTGTTTAAAT CGCATAAAAT GCATCACCGC 360  
 CTGAAACAGC ATTAAAGCGA AACACTTTGG TACTAGCGTC TTTTGGAtGA AACCATTTTT 420  
 CAAATAATGC TTTkGTCGTA TAGGCATCAA ACACCTTTTC AATCGGTGCT TCTATCGTTC 480  
 TTGAAAAAAT AATTTTATTA TCTTCAACTT TAATCGTCAT CTTCCCACTC CCTATCTTTT 540  
 ATATTTACTC ATCTTAACAT GCATTGAGTA ACATATGTTA CCAAATCATT TGTTATAAAC 600  
 TATAGTAATA TTAATCATTC CCTCTGTnGA AATTGATAAC TACGAAATAA AAAACACACT 660  
 CTATTCAGCT ATTAACAGTT GAGTAGAGTG TGCAAACCTG TTGAATTAAT GCGCTAACAT 720  
 TTCTTCTTTG ATTTGGTCTT nATnTAATTT TGAAGGATAA TATGTTGGCC AGTTA 775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 728 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

ATCAAAATTT GATACTAAAG GGCTCACGCT ATTTTATGTA TTTATTGGAT TGATTATGTT 60

	TGTGGCAATG TGTTTATTTA AAGTAGAAAA ACATGTTTCT TCACCATTTT TACCTGTGGT	180
	TGAATTTAAT CGTTCGATTA CTTTAGTTTT TATAACTGAC CTTCTAACAG CTATTTGTTT	240
5	AATGGGATTC AATTTATATA TTCCAGTCTA CCTTCAAGAA CAACTAGGAT TATCTCCATT	300
	GCAAAGTGGG TTGGTTATTT TTCCTTTATC TGTAGCTTGG ATTACATTGA ATTTTAATTT	360
10	ACaTCGAATT GAAGCAAAAC TATCAAGGAA AGTTATTTAC TTA CTATCAT TTACATTGCT	420
	ACTAGTAAGT AGTATTATCA TTTCAATTTGG TATTAAATTG CCGGTACTTA TAGCATTGTG	480
	GTTAATTTTG GCAGGATTAA GTTTTGGATA TATTTATACG AAAGATAGTG TGATTGTCCA	540
15	AGAGGAAACT AGCCCATTAC AAATGAAGAA AATGATGTCA TTTTATGGAT TAACTAAAAA	600
	TCTTGGGGCA TCAATAGGTT CAACAATAAT GGGATATCTT TATGCGATAC AATCAGGAAT	660
	CTTTGGTCCA AACTTACACA nTGTGTTAAG TGCTGTTGCT GTAATTAGCA TGGGCTTATn	720
20	GTTTTATG	728

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 612:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 913 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 612:

	TATCAGAGCA AATAAGCAAG TTAGATAAAA AGATTTCTGA CTTACAATTA ATTAGACGCT	60
35	CTGTATGTGA ATTTATTAAA GGACTCTCTC TAATAGATAC CAGCATTTTA AACAAGACAC	120
	TACAGTCACA ATATGATAAA GAAGCATCTA TAAAATATGG TCATACGAAA GCATATCAnT	180
40	CATTTATTAG ACGTAAAGAC AGCTTACAAT CGCAGGATAT CAGACATAAA TTGACAACTA	240
	TCTTCAATAA ATTTAATCAT ATGTCTTTGA GTCATTATCC AATCCAAGAT TGTAGTGATC	300
	TCGTATTTGA GTGGAAGGCA TTTATGAACA CTATCGCTGA TTTTGmTGAT GAAACATTAT	360
45	GCTGTATTGC TAAAACATAT GAAGATGATA CGCGTTTCAA AGATTACTTT AATTCATATG	420
	ATAATCAAAA TTTAGCATCA TACATTTTCAAG AAGCTGTTAA TTATTTTTTG AGCAATGTGA	480
50	ATAAGAGCGA CAATTTTTAA TCCTCATACA GATGCTACAA CACTGAATAC ACCAACTAAA	540
	ATAATTGTTT AAAGTAGAAA ACTAATCATT TATTCTCTAA ATCAATAACT ATATTAAAAG	600
	TTATACCTTT GCAAAGCGAA TTAGTATAGG TTACCGAAAG GAGAAAGGAT TAGGTTCCAT	660
55	TCGATTTATA AAAAAATATA TTTCGAAACA TACAAAAGCG CCAGAAGATA ATCATTTTCT	720

TCAATGCATA TTCAACTAGC TCAGGTTTAC TCTTTAAGCC AAGCTTTGTC ATAATATGCG 840  
 TCTTATGTGC TTCTACTGTT TTCACAGATA CAAATAATTT CTCTGCAATT tCTTTATTCC 900  
 5 CGTAACCTTT GGC 913

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 654 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 613:

ACAAGTGTTG ATGTCATAGT AGCGTCAAWT GTGCTTTATT TCTGGGACAC ATTTAAATTT 60  
 20 TTCCACCCCA TTACTTGGAG CTTAATCTTT ATTACAATTT TACTATTATT AAACATTTTT 120  
 TCTGTAAAT CATTGGAGA AACTGAGTTT TGGTTATCAT TGATTAAAGT GTTAACAATT 180  
 25 ATCGTATTCG TTATTTTGG CTTTTTAATG ATTTTCGGTA TCTTAGGTGG TCATACATAT 240  
 GGATTTGAAA ACTATACAAA AGGCCAAGCA CCGTTTGTTG GTGGTATCTC TGGTTTCTTA 300  
 GCGTATTAT TAGTCGCCGG ATTTTCGGTT GGTGGTACAG AAGTAGTAGC AGTAACTGCT 360  
 30 GGTGAATCAG ATGACCCTAA AAAGTCTATG CCTAAGGCAA TTAAACAAGT ATTTTGGCGT 420  
 ATTCTTTTAT TCTATGTCTT ATCAATTGCA GTAATTGGTG CAATTATTCC GTACACAGAT 480  
 CCATCATTAT TAAGAGCAAG TAGTTCAATA AGTCAAAGCC CATTTACAAT TGTATTTCGAT 540  
 35 AGAGtAGgCA TAGCCTTTGC AGCATCAGTA ATCAACGCCG TTATTTTAAC TTCATTATTA 600  
 TCCGCTGCAA ATTCAGGTGT TTATACAACA GGCAGAATGT TGTATTCCTT AAGT 654

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 642 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 614:

TCGATCTTTA TTGATAATAA TTAAATTGTC GCCTTTAAAA TGTGATATTA ATCCTGCGGC 60  
 AGGnTGTACA ACGAGTGATG AACCTAGTAC AACAAGGGTG TCAGCATGTT CAATTTTATT 120  
 55 TAATGCCCTT ATGATGGTAG GTTGATCTAA CATTTACCG TATAATACGA TGTCCGGTCG 180

ATAAGATTTA TGACATACAT TACAATAAAA ACGATTTAAC GTGCCATGTA ATTCATCAAC 300  
 ATGTTGACTT CCAGCGTCTG AGTGCAAACC ATCGATATTT TCGTGATGA CACCTAAAGA 360  
 5 TTGTTGATTA CGTTCTAATT TTGCAATCCA ATCATGAACG ATATTGGGCA TCGTATCGAC 420  
 AAATAGTAAG CGCTTATGGC AGAAATTGAT AAAACCTTCA GGATCATCTT CTAAATAATC 480  
 10 ACGGCTTAAC AAGTATTCTG GCGAAAGCCC ATCTTTTGaA ATTTTCATCAA ATAAGCCACC 540  
 CATTGaACGG AAATCTGGAA CGCCACTTGC GACAGATACA CCAGCACCTG TAAAAAATGT 600  
 AATACGATTC GAACTATCTA TAATATGTTT TAGTGTCTCT AA 642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1210 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 615:

TTTCCCCnCC CnCCAAATA TCCAAnGGAA CTTTAATAGT CCAATTGGCA CAGTAAACT 60  
 ATGGCATTTT ATAAGTATAA TATATCTGTA ATTTATGGTC AATTAGTAAA TTGTTTTTTA 120  
 30 TTTGAAACAT ATTTACATc AAAATCACAA AGACTTTTAG ATTTTGtTCT AAAAATCTCT 180  
 TAATAATTTA TTAAATGAGA AGAGTTGCTT ATATAGTAAA TTGTGAAGCC GTTAAAACAA 240  
 CGTTACAAAA CCTATATCTT TAATACGGAA CCATATGGTA TGAATCAAGG AATACTTAAA 300  
 35 CTAAAACTTC TCTATCAGAT TTATTTGTTG CGAAATCAAC AACTTTAATT GCTTGCCCTT 360  
 CATTTAATGG ATAATTTGCT TGCgTAATTT TAACTTTTAC AATTGACCT ATGAGTGATT 420  
 CGTCACCTTC AAATTGTACT TTCATATAAT TATCTGCATA TCCAATAAT GTACCTTCTG 480  
 40 TGtCACCTG TTCCTCAGGA ATTACTTCAA GCACATCTTG ATCAAATTTA GACGCATATA 540  
 ACTTTCCGAG TTGATTGCTT AGCGTAATTA ACTTATGCAC CCGTTCATTT TTAATTTCTT 600  
 45 CATCAATTTG GTCATCCATT CTTGCAGCTG GCGTGCCAAT TCTAGGAGAA TAAGGGAAAA 660  
 CATGCAGTTC AGAGAACTTA TGCTTTACGA TAAAATCATA TGTTTCTTGG AACTCAGCTT 720  
 CAGTTTCACC TGGGAAACCA ACAATTACAT CACTCGTAay TGCCAAGTCT GGTAAAGCTT 780  
 50 TATGCAATTT TGTTAATCGT TCTGAAAATC TATCCATTGT ATACTTACGT CTCATACGTT 840  
 TTAATACTGT ATCTGAACCA GATTGTAATG GAATATGCAA ATGACGCACA ACTTTTGTTG 900  
 55 AACGTTCTAA AACGTCAATT ACTTCATCTG TAAGTTGACT TGCTTCAATT GAAGAAATTC 960

CTTTTAAATC TTGACCATAT CCACCTGTAT GAATTCCTCGT CAATACAATT TCCTTATATC 1080  
 CTGAATTCAC TAGTTGCGTC GCTTGTTCAA CTACTTTTTTC CGGATCTCTT GAACGCATTA 1140  
 5 AGCCACGAGC CCATGGAATA ATACAGAATG TGCAGAAGTT GTTACAACCT TCTTGAATTT 1200  
 TTAATGACGC 1210

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 616:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 652 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 616:

20 TAATAAAATA CAATACTTTT CAATACAGAG AATCCCGCAA TGTCGGGATT CTTATTTATG 60  
 CTGATTTTGT TTTTGTCTAT GATCAGGGAC TTTcAGGGAC TCAATTAATT ATCACATTCA 120  
 TATTTTCTTA TGACCAAATT GATACATATG ATGCTATTTA ATGAGAAAAT TAGGCATCAC 180  
 25 TTGGTTATTG AATTTCTTTC ATTAACTTT CCAGCTCAAT TTAATAGTTA GTCGACTATT 240  
 ATTCATTAAA CACTTTTTAA TCATAAAAAA GTGTTTTTgA TAATTCACtA CcAAAAACAC 300  
 CTTCTTACTT ATAATTCTAT TTGTTACCA TTTCTAATCT TATCGGCTAA ATCATTCACT 360  
 TTTCTTAATC GGTGATTAC ACCTGATTTT GAAATTGGAC CAGTTGATAC CATTTCTCCA 420  
 AGCTCTTTCA ACGAAATTTT TTGATGTTCT ACTCGAATTC TAGCAATCTC TCTCAACCTG 480  
 35 TCTGGTAAAT TTTCAATACC AATTTCTTTA TCAATCAATT TAATGCTCTC AACTTGTTTC 540  
 ATCGCAGCAC TAACTGTTTT ATTTAGATTG GcCGTTTCAC AATTAACGAG TCGGTTAACA 600  
 GAATTACGCA TATCTCTTAC AATACGTACG TCTTCAAATT TTAATAACGC TT 652  
 40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 617:

50 TnACCACTTT AAAATAGCGC TTAATAAAAtG AAGGGGGCAA GTCTTATGAC GtTTTACaAT 60  
 TTCATCaTGg GTTTTCAAAA TGtTAACACA CCATTTGGTA TATTGGCCGa ACACGTTAGT 120  
 55

	TCTAATTACA CAGATCATCA ATTAATTGAA ACTACAAATA GAGCTATTAG CTTATATATG	240
	GCAAATTAAT TTGAGTAGTA CCAATTATGA TGTATTAGTG CATCCCAAAT ATCTTTTGGT	300
5	TTAAAGTTTA TTTCATCATT TCTTATCGAA AATGGTGTA TAATGTCTTT ATCTAACCAA	360
	GTGTTGATAA GTTCATTTGG TACACCATCT AACCAACATTT CACTTTTACT AATTATAAAA	420
10	CATCCCACT CAAGTGAAAC ATTTTGTGGA TTCACATAAT TACATTGATT ATGATTATCC	480
	ATAAACACTC ACTCCTTTAA AATTCTGTAC TCTTCATTGC GTTTTACCCC GTCACATTAT	540
	CTTTTAAACT AAAATCATCA TTACTTATGA AAAAAATGTA CATCAAAAGC AAAGGTTTTT	600
15	GCTACCGAAA AAGTTTAAAT AATGGTtTAA TATATtTGGT ACTCATTTTA ATAAAAAGAG	660
	AATACATTTT GAGCTATCAA TACTTTTTAT TGAAGAGGTG TTATTsyTGG CTAAAACGTT	720
	ATATTTAATG CGCCACGGAC AAACCTTGTG TAATTTTAAG GGACTAATTc AGGGATTG	780
20	AGATTTCGCCG CTAACAGA	798

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 618:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1786 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 618:

	ATACGCTCAA TTGATAAAAA TTTAATATCT GCCATTTGTA TACGCATCGC TTCGAATGTT	60
35	TCCGTTGCAA TATCAAATGA TAATTGTGAC TGGAACCTTA AACATCGAAT CATACGTAAA	120
	GCATCTTCTT GGAATCGTTC CTCAGCTATA CCTACAGTTC TTATTATTCG ATTATTAATA	180
40	TCTTGTTGAC CATCAAAATA ATCATACAAT TTGTATGCTG TATCCATTGC TATCGCATT	240
	ATCGTGAAAT CTCGTCGTTG CAAATCTTCG TATAAATCAC GAACAAATGT AACACCACTT	300
	GGTCTACGGT GATCGACATA ATCTTCTTCA GCCCGGAATG TTGTCACCTC ATAATTTtCA	360
45	TCATTAAAAa CTACATTtAT CGTGCCAtGT yCTTnACCTA CAGGTATCGT ATGACTAAAG	420
	ATAGATTCTA TTTCATCCGG CGTTGCACTT GTTGTGATAT CTATATCATG AATATTTCTT	480
	CCCATGACAT AATCTCTTAC AGAGCCACCT ACATAATATG CTTCAAAACC ATTGTCTTGA	540
50	ATTTGTTCTA ATATAGGCCT TGCCTGTTCA AATAATGATT TATCCATATT ATTACTCGCC	600
	TTTACTTTTG TTATGCTCAT TTAGCATTTT TTGATAATAA TACTCATATT GATCTGTAAT	660
55	AAGTTCTGAT CCAAAACGTT CAGCAATATC TGCTAGCATG TTTTCTGAA GTTTGTTGTA	720

ATCTACGACA AATCCAGTTT CACCATGTTT AATAACCTCT TTAATTCCAC CGGCATTGTA 840  
 ACCAATTGGA ACGACGCCTG TWTTCATAGC CTCAAGTAAA GTTAGTCCAA AGCTTTCTTT 900  
 5 TTCACTTAAT AATAATACTA AGTCAGATAA TTGGTAAAAT TCACTTACGC AATCTTGTTT 960  
 CCTAAAAAT AAAACATCCT CTTCTACGTT TAACTCTTTC GTCAATTGAC GCATTGGCAC 1020  
 10 TAATTCAGGA CCATCTCCAA GTAAAATTAA TTTACTAGGT ATCTTTTCAC GTACTTTTGC 1080  
 AAATGTTTCT ATAATAGTAT CTATGCGTTT TACTTGTCTA AAATTCGATA CATGTATTAA 1140  
 CACTTTTTCA TCTGGTGCTA TACCAAATTG TGATTTTAAT GCTGTGTTAT GTTTAGTTGG 1200  
 15 AAATCATTTC TCACGTACAA AATTATAAAT CGGTATAATT TCTTTGTTAG TTTCAATAAT 1260  
 TTCATGTGTT TCTTGTGCTA AAGATTTACT CACACTTGTC ACAATATCAC TTTTTTCAAT 1320  
 GCCAAATTTA ATTGCACCTT GGAGTGAATG ATCATAGCCC AAAACAGTAA TATCAGTACC 1380  
 20 GTGTAGCGTT GTCATAATTT TTATATCTTT ACCTGACATC TCACGAGCTA AAATCCCACA 1440  
 AATTGCATGA GGTACAGCAT AGTGCATATG CAACAAATCA AGATCATATT CTTTAATAAC 1500  
 25 TTCAGCGATT TTAGTACTTA ACGTAATATC ATACGGTGGA TACTGAAATA CTGCATATTG 1560  
 ATCACTTCA ACTTGATGAA AAATCATATT CGGTAATGGT TTTCTTATTC TAAACGGGAT 1620  
 ATTTGAAGTG ATAAAATGTA cTTCGTGACC TCGCTCTGCT AATTTAATTC CTAATTCTGT 1680  
 30 GGCAATAATT CCAGAACCAC CCATGGACGG GTAACATGTT ATACCTATCn TCATTGCTT 1740  
 GCCCATCCTT TCTTTCTATT TCTCnCTATG ATnCTCGATG CGTAGA 1786

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 619:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 844 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 619:

45 ACAGGTATGG ACTTnGCTCA AATGACACGA CATTATTTAT CAAGACCTAT TGCTATAATC 60  
 TTTTGGATCA TTGCAGAACT AGCAATTATC GCTACAGATA TTGCTGAGGT TATTGGTAGT 120  
 GCTATTGCTC TTAATCTCCT ATTTAACATA CCTTTAATCG TCGGTGCACT AATAACTGTA 180  
 50 CTTGATGTAT TTTTACTACT TTTTATAATG AAATATGGTT TTAGAAAAAT TGAAGCTATT 240  
 GTTGGTACAT TAATTTTCAC AGTGTTATTC ATCTTTATAT TTGAAGTCTA TATTTTCATCA 300  
 55 CCACAGTTGA ATGCTGTGTT AAATGGATTT ATACCACATA GTGAAATCAT TACAAATAAC 360

TTACATTCAT CAATTGTACA ATCTAGAACA TACTCAAGAC ATAACAATGA AGAAAAAGCG 480  
 CAAGGaTTAA ATTTGCTACG ATAGATTCTGA ACATTTCAGTT ATCAATCGCA TTTGTAGTCA 540  
 5 ATTGCTTATT ATTAGTGTaTA GGAGCATCAC TATTTTtCAA CTCAAATGCT GACGATTTAG 600  
 GTGGTTTCTA TGATTTATAT CACGCCTTAA AAACTGAACC TGTACTAGGT GCAACAATGG 660  
 10 GTGCAATCAT GAGTACATTA TTTGCAGTTG CATTATTAGC GTCAGGTCAA AATTCAACGA 720  
 TTAAGGTTAC TTTAGCAGGA CAAATTGTAA TGGAAGGATT TTTAAGATTA CACATACCA 780  
 ATTGGTTAAG ACGTTTAATT ACACGTTCTC TTGCTGTCAT TCCTGTTATC GTATGCTTAA 840  
 15 TCAT 844

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 620:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 20 (A) LENGTH: 574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 620:

TGTATTGCAG TCATGCCATA AATTTTTTTGA ATAATAAACG GAGACGCAGA AATATAAGTA 60  
 30 AATAATATTA CAAATGTCAT ACCTTGGAAT GAGCATTGGT AATACAAAAC GTGGCGTCTT 120  
 CAnTAATATT TTGAAGTTTT TAAACATTGT CTTTAaTCCA CTACTTGACT CACGATTTGT 180  
 CACTGTTAAT GATTCAAGTA CTTTTAATAA AGAACCTATG ACCATGACGA AGCCAAAGAT 240  
 35 AGTCAGAATG ACAAAGACCA TACGCCAGAC AGAATAATTT AAAATTATGC CCCCTATTGT 300  
 TGGCGCAACA ACTGGTGCAA TACCATTAAAC AAGCATCAAT AATGCCATAA ACTTAGTTAG 360  
 40 TTCATTACCA CTATACATAT CACTTGCTAT AGCTCTTGAA ATAAGTCTG tGCGCCACCT 420  
 GTCACCTCTT GAAGaAATCT TAATGCAACC ATCAGCCAAA TATTATGTAC AAAACAATA 480  
 CCTAACTTG CTAATGTAAA AATAATCATA GCTATAATAA GCGGCTTTCT GCGCCCAGTT 540  
 45 GAATCTGAAA TTGGACnAGC AACCAAATTA CCAA 574

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 621:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 50 (A) LENGTH: 523 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

AAGCAAGAGA GAGTACAACA TTTATATGAT ATTAAAGACT TACATCGATA CTACTCATCA 60  
 5 GAAAGTTTTG AATTCAGTAA TATTAGTGGT AAGGTTGAAA ATTATAACGG TTCTAACGTT 120  
 GTACGCTTTA ACCAAGAAAA TCAAAATCAC CAATTATTCT TATTAGGTAA AGATAAAGAG 180  
 AAATATAAAG AAGGCATTGA AGGCAAAGAT GTCTTTGTGG TAAAAGAATT AATTGATCCA 240  
 10 AACGGTAGAT TATCTACTGT TGGTGGTGTG ACTAAGAAAA ATAACAAATC TTCTGAAACT 300  
 AATACACATT TATTTGTAA TAAAGTGTAT GGCGGAAATT TAGATGCATC AATTGACTCA 360  
 TTTTCAATTA ATAAAGAAGA AGTTTCACTG AAAGAACTTG aTTTCAAAAT TAGACAACAT 420  
 15 TTAGTTAAAA ATTATGGTTT ATATAAAGGT ACGACTAAAT ACGGTAAGaT CACTATCAAT 480  
 TTGAAAGATG GAGAAAAGCA AGAAATTGAT TTAGGTGATA AAT 523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 622:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1871 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 622:

30 AGAAGTGTGA nAAAAATTTA AnAGAGATAT GCACATAGAT GACGCATTGC TATATCCAAG 60  
 CAATTGAGAA AGCTGCTGAT GCTCCAAATC aCGGAATGAG GGAACCATGG AGAGTTGTGC 120  
 ATGTTCCGAA AGACAGATTA GGAGATATGA GTAAGGATAT TTCTAAATTT GCATTTCCTA 180  
 35 ATGAATTAGA TAAGCAACAA TGTCATTATG ATGCAGTTAC GAACTAGGT GGCATGTTAT 240  
 TGCTTATTTT AAAACAGAT CCAAGACAAC GTCAAAATGA TGAAACTAC TTTGCATTG 300  
 40 tGCATATGCA CAAAATCTTA TGTGTGTTACT TTATGAAGCG GGAATAGGTA CATGTTGGAA 360  
 aTCGCCATTA TATATCTATG ATCCTAAAGT AAGnAAACAC TTGGTATAAA GnAAGATGAA 420  
 GTTCTTGCTG GATTCTTATA TTTAACGGAT TTAGAAGnAG ATATGCCTAA AGCACCACGT 480  
 45 AAAAATAGAA ACTTAATTAC ATTATATTAA TATGTATAAT TATAGAAACA TTAATAAAAG 540  
 CTGAGTCATG AATTGATGGA CATCTATCGA GTTAGAGATT TAATCTAACT TACTAGAGTC 600  
 GGTACAATAA CAGTCTCAGC TTTTATTGT GCAGTATATA CACATTTTTA TTTTAGTATT 660  
 50 TATTtAAAAG TTtCTGCTaA AAATGATTCA ACTTGTTTCAG GTGACTTAGC ATTTGCTGAA 720  
 TGAAGGTGTG CAATTTTATC GCCGTTTTTA AATACTAGCA AGCTAGGGAT ACCCATAACT 780  
 55 TCATTTTCAA CAACTACATC TTCTAAITCA TCACGATTAA CAGTATACCA TTGGTAATCA 840

CCTGCCTCAA ATTTAACAAT TACAGGTGTA TCGCTATTAA TTACAGATTT AAATGATTCA 960  
 TTACTTTTGA TTGATTGCAT TGTAACAACT CCTCTAGATA GTTTAATAAT TTTTATTATA 1020  
 5 GCTAAATTTA TATCATAATA AAAAATTTTA GCTTCAAAAT GAAAGCCTTT TGCTTTGGAA 1080  
 AATGATATAT TTATTTTAAA TACATAAAGG AGGTTGCAGT CGTATGATTA AATTTTACCA 1140  
 10 ATATAAGAAT TGTACAACTT GTAAAAAGGC AGCAAAGTTT TTAGATGAAT aTGGCGTAAG 1200  
 TTATGAACCA ATTGATATCG TTCAACATAC ACCTACAATA AATGAATTTA AAACAATAAT 1260  
 TGCAAATACA GCGGTAGAAA TTAATAAATT GTTTAATACA CACGGCGCGA AATATCGTGA 1320  
 15 GCTTGATTTG AAAAATAAAT TACAACTTT ATCAGATGAT GAAAAGTTAG AGTTGTTATC 1380  
 ATCTGATGGT ATGTTAGTAA AGCGTCCTCT AGCAGTAATG GGCGATAAGA TAACATTAGG 1440  
 ATTTAAAGAA GATCAATATA AAGAGACTTG GTTAGCGTAA GTGaAATGTA AGCGTTTACT 1500  
 20 AAATATCTCG ATATTTAGAT TCATTACATG TAAAATGAAA TAAGCTATAC AATTGTTAAT 1560  
 TTTTATAAAT ATAGTTGAAT AGCATCTAGC CTTATGGCAT CATTAATGAT GTAAAGATTA 1620  
 25 ATTAGGAGGG GATTCTCTTG GCAGTACCAA ATGAAYTGAA ATATTCAAAA GAGCATGAAT 1680  
 GGGTTAAAGT TGAAGGTAAT GTAGCAATAA TTGGAATCAC AGAATACGCA CAAAGCGAGT 1740  
 TAGGTGATAT TGTTTTCGTT GAATTACCAG AAACAGATGA TGAAATTAAT GAAGGGGATA 1800  
 30 CGTTTGGTAG CGTAGAATCA GTTAAAACTG TATCAGAATT ATATGCACCA ATCTCTGGTA 1860  
 AAGTAGTTnA A 1871

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 623:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 451 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 623:

45 TTGCTGTAGA AGATAAAGAG TCCCATCAAT GGATAGGCTT TATAGGTTTG AATTATATTC 60  
 CAGAAACAAG CGATTATCCA TTAAAGAAT TACCGCTTTA TGAAATAGGT TGGCGCTTGT 120  
 TGCCAGAATT TTGGGGAAAA GGATTAGCAA CTGAAGGCGC AAAGGCAACA TTGAAGTTAG 180  
 50 CAGAAGAACA TCAATATAC GATGTCTATA GTTTTACAGC AGAAGCAAAT AAAGCTTCAC 240  
 AACGTGTAAT GGAAAAAATT GGCATGACAG TGTATGATCA TTTCGAATTA CCCAATCTAA 300  
 55 GTAAGTATCA TTTATTaAAA AGGcAAGTGC GCTATTACAT TAATCTTCcG AAAGTGGA 360

ATTAgGGGGT GtTTnGTkTn ATTTTTTTAA n

451

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 624:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 665 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 624:

CGATAGTTAT CTAAAGCCAT TTTnGATTGT GTTATGAAAT CTAATGATGC GTGATAATTT 60  
 AATGCrACAT AACGrTaATA TAAAATATCA ATAGTGAACA TTTGAGCAAA TAATGAAGTT 120  
 GTTGCTCCCA TATGCATCTC ATTTTCATCA GTTTTCCCAT AAGTTAAAAC AATATTTGAT 180  
 GCCTGTGCTA CGGGATTATC CCTTGTACTA GTAATTGTAA TTATAGGTAT ATGGTAGTCA 240  
 TCAATAACTT TAACCATTGA TTGCATTTCA CTTTGCGTAC CATTGTTAGT AATAAGAATA 300  
 aCACTGTCGT TCGAATTGTG AGTTGCTAAT AATGTAGCAA AAATATGTGT TTCTTGAACA 360  
 AGTTGAATAT TAAGACCTAT TCTTGATAAC TTTTGGTATA AGTCGGTAGC AACTACAAAA 420  
 GATGCGCCAA AACCATATAT AAAAATCGTC TCAGAACGTT TTAAACAATG ACATATTTGA 480  
 TCAATAGTTT TATCATTTAA TTCGTTATTT GCATGATTAA GTGCGCGTGT AGTACGTGTA 540  
 TGGAGTTTAG TTCTTAAAGA TTCTGTGCTT TCGTTATTCA TTAATTCAAC ATTGTAAATT 600  
 GATGATGCTT TAGGAACATA TTTAGATATA TTTATTTTCA AGTCGTGAAA ACCGCCATCA 660  
 GTAAT 665

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 625:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2549 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 625:

GATGCCAATT AACCGTGCAT ATAATGTTGA GAAGTTAATC GAAGCAATTC AATATTATCA 60  
 AGAAAAACA AATCGTCGTG TTACTIONTTGA ATATGGTCTG TTTGGTGGTG TGAATGACCA 120  
 ACTAGACAT GCAAGAGAAT TAGCACATTT AWTAAAAGGC TTAAACTGCC ATGTTAACTT 180  
 AATTCCTGTC AACCATGTTT CAGAAAGAAA TTATGTGAAA ACGGCTAAAA ATGATATCTT 240

	TTCGGATATT GACGCAGCTT GTGGTCAATT AAGAGCAAAG GAACGACAAG TAGAAACGAG	360
	GTAAAGACAA ATGCTAGAGG CACAATTTTT TACTGATACT GGACAACATA GAGATAAGAA	420
5	TGAAGATGCG GGTGGTATTT TTTATAATCA AACTAATCAA CAACTTTTAG TTCTGTGTGA	480
	TGGTATGGGT GGCCATAAAG CAGGAGAAGT TGCAAGTAAA TTTGTTACAG ATGAGTTGAA	540
	ATCyCGTTTT GAAGCGGAAA ATCTTATAGA ACAACATCAA GCTGAAAATT GGTGCGTAA	600
10	TAATATAAAA GATATAAATT TTCAGTTATA TCACTATGCA CAAGAAAATG CAGAATATAA	660
	AGGTATGGGT ACAACATGTG TTTGTGCACT TGTTTTTGAA AAATCAGTTG TGATAGCAAA	720
15	TGTCGGTGAT TCTAGAGCCT ATGTTATTAA TAGTCGACAA ATTGAACAAA TTAGTAGTGA	780
	TCACTCATTT GTTAATCATC TTGTTTTAAC GGGTCAAATT ACGCCGGAAG AAGCATTTAC	840
	ACATCCACAA CGTAATATTA TTACGAAGGT GATGGGCACA GATAAACGTG TGAGTCCAGA	900
20	TTTGTTTATT AAGCGATTAA ATTTTTATGA TTATTTATTA TTAAATTCAG ATGGATTAAAC	960
	TGATTATGTT AAAGACAATG AAATTAAGCG TTTGTTAGTA AAAGAAGGTA CAATAGAAGA	1020
	TCATGGTGAT CAATTAATGC AATTGGCATT AGATAACCAT TCGAAAGATA ACGTTACTTT	1080
25	CATACTCGCG GCTATTGAAG GTGATAAAGT ATGATAGGTA AAATAATAAA TGAACGATAT	1140
	AAAATTGTAG ATAAGCTTGG CGGCGGTGGC ATGAGTACCG TTTATCTTGC TGAAGATACG	1200
30	ATACTTAACA TTAAAGTTGC AATTAAGGCG ATTTTTATAC CACCTAGAGA AAAAGAAGAA	1260
	ACATTAAAAC GTTTTGAACG AGAAGTACAT AACTCATCAC AGCTATCACA TCAAAATATA	1320
	GTAAGTATGA TCGATGTTGA TGAAGAAGAT GACTGTTACT ACTTAGTAAT GGAATATATC	1380
35	GAAGGTCCGA CTTTGTCTGA GTATATTGAA AGTCATGGGC CATTAAGTGT TGACACAGCG	1440
	ATTAATTTTA CGAATCAAAT ATTGGATGGC ATTAAACATG CGCATGATAT GCGTATTGTA	1500
	CATAGAGATA TTAAGCCACA AAATATATTA ATTGACAGCA ATAAAACGTT GAAAATATTT	1560
40	GATTTTGGAA TTGCTAAAGC TTTAAGTGAG ACGTCTTTAA CTCAGACTAA TCATGTGTTA	1620
	GGTACTGTGC AGTACTTTTC GCCAGAACAA GCAAAAGGTG AGGCAACGGA TGAATGTACA	1680
45	GATATTTATT CTATAGGTAT kGTGTTATAT GAAaTGCTTG TTGGTGAACC ACCCTTTAAT	1740
	GGAGAACTG CAGTTAGCAT TGCGATTAAA CATATTCAGG ATTCTGTGCC AAATGTGACA	1800
	ACAGATGTAC GTAAGGATAT TCCGCAATCT TTAAGTAATG TCATTTTACG CGCTACAGAA	1860
50	AAAGACnAAG CGAATCGTTA CAAAACAATT CAAGAAATGA AAGATGATTT GAGTAGTGTT	1920
	TTACATGAAA ATCGAGCGAA TGAAGATGTC TATGAACTCG ATAAAATGAA AACGATAGCG	1980
55	GTACCTTTGA AAAAAGAAGA TCTAGCAAAG CATATTAGTG AACATAAGTC GAATCAACCT	2040

AGCCAGAAGG TACGGTGTAC GAACCAAAAC CTAAAAAGAA ATCAACACGA AAGATTGTGC 2160  
TCTTATCACT AATCTTTTCG TTGTTAATGA TTGCACTTGT TTCTTTTGTG GCAATGGCAA 2220  
5 TGTTTGGTAA TAAATACGAA GAGaCACCTG ATGTAATCGG GAAATCTGTA AAAGAAGCAG 2280  
AGCAAATATT CAATAAAAAC AACCTGAAAT TGGGTAAAAT TTCTAGAAGT TATAGTGATA 2340  
AATATCCTGA AAATGAAATT ATTAAGACAA CTCCTAATAC TGGTGAACGT GTTGAACGTG 2400  
10 GTGACAGTGT TGATGTTGTT ATATCAAAGG GCCCTGAAAA GGTAAAAATG CCAAATGTCA 2460  
TTGGTTTACC TAAGGAGGAA GCCTTGCAGA AATTAAAATC GTTAGGTCTT AAAGATGTTA 2520  
15 CGATTGAAAA AGTATATAAT AATCAAGCG 2549

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 626:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2286 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 626:

TGCTTACTTC GCCTTCAATA CGTACTAATT CATGTCCACA ACTTGGACAA TGGGTTGGCA 60  
TATGATATGT GACAGCATCC TCAGGTCTAC GTTCTGGAAT ACTACGTACA ACTTCAGGTA 120  
30 TGATGTCACC TGCTTTTTTC ACTACAACAC TATCACC AAT TCGAATATCT CTGTCATGAA 180  
TTAAATCCTC ATTGTGCAAA GATGCTCTTG aTACAGTTGT ACCAGCTACT TTTACTGGTT 240  
35 CTAAAATAGC AGTAGGTGTG ACTACACCTG TTCGTCCAAT ACTTAATTCA ATATCTAATA 300  
ATTTAGTTAC TACTTCCTCA GCTGGAAATT TATAAGCAAT GGCCCATCTA GGAGATTTTT 360  
GTGTGAATCC CATCTCATCC TGTGATCTA AATCATTAACT CTTAATAACA ATCCCATCAA 420  
40 TATCATAAGG TAATGACTCT CTTTGGCTTG TCCATTTTTTC AATATACTCT AAAACACCAT 480  
CGATATTATT TACACGCGCT CTATTTTTAT TCGTTGTAAA ACCTAATTTA TCTAACTCAT 540  
CTAATGCTTC ACTTTGCGAA CGCGCATTGA AATCAGTGAA ATCATTGACA CTATATATAA 600  
45 ATACGCTTAG CTTTCGTTTT GCCGTTAATT TAGAATCTAA CTGTCTTAAT GATCCCGCAG 660  
CAGCGTTTCT TGGATTnGCA AATAACTGCT CATCATTTTT TTCTTTTTCT TCATTTAATC 720  
GTAAAAATGA ACGTCTCGGC ATATATGCTT CACCACGAAC TTCTACATTT AATGGtTCTT 780  
50 TCATTTTCAA AGGTATCGCA TGAATTGTTT TTaAATTTTC GGTAATATCT TCACCTGTTG 840  
TTCCATCACC ACGTGTTAAA CCTTGaACGA AGTATCCATC AACATATTTT AATGATACTG 900

GTTGGTCGAA TTTTCTCAAA TCATCCTCAT TAAATGCATT CCCTAAACTT AACATTGGCG 1020  
 TGTCAATGGTT GACTTTATTG AAAGAGGCTT GGGCTTCACC GCCAACTCTA ACTGTTGGAG 1080  
 5 AATCTACAGT CTTATACTCA GGATGCTCCT CTTCTATTTT AATCAGTTCA TGAAGTAATT 1140  
 TGTCAATATTC ACTATCTGGT ACAGATGGAT TATCCTCTAC ATAGTATTCA TAACTGTATT 1200  
 GATTTAATAA ATCATGTAAC TCGTTCACAC GAGACGATAA ATCAGCCATC CCTTAATCCT 1260  
 10 CCTTTTTTtC AATTGGTGCA AATTGCGCTA ACAAACGTTT TGGCCCTTGT GATTTAAAGA 1320  
 TAATATCTAG TTCGATTGAG CCATTTTTCT CGTTTACATT ACTCACCATG CCTTCTCCCC 1380  
 15 AGGCTTTATG CATCACTTTG TCACCTACAT TCCAATCAGA TGACAATACT TGTTTTTTCG 1440  
 TTGACGTTGT TCGTTGACTA AATCCGCGTT TAGCAAAAGG TTTTGCCTTA GGTTGTATCG 1500  
 TTTGTGTTTT GCCACTTGAA TGATTTTCTA ATAGTGATTG TGGAATTTCC TTTAAAAATC 1560  
 20 TGGATGGCAT ATTTGACTGA GGGCGACCAA ATAACATTCT TGATGTCGCA TGAGTGATAT 1620  
 ATAACACCTC TTCAGCCCTT GTAATTGCTA CATAACAAAT ACGACGTTCT TCTTGCAATT 1680  
 CATGATCATC TTCACTCTTA ATCGCTCTAA TATGTGGGAA TAAAGATTCT TCCATCCCCA 1740  
 25 TTATAAAGAC AATTGGAAAT TCAAGGCCCT TAGCCGAGTG CATCGTCATT AGTGTTACGC 1800  
 CATTTTCAGT ATCTGCCTCA TCAATATCAG CTAATAACGA TAAATCCGTT AAAAAAGTTAA 1860  
 TTAATGACTG TTCTTCTAAT GGGGTATTTT CCTCATAGTC TTTTGGTACT GACATAAATT 1920  
 30 CATCGATGTT TTCTAATCTA CTTGAGATT CTAATGTATT TTCACGTTCA AGCATTTCTC 1980  
 GATAGCCAGA CTTTTGTAAT ACTTCATCAA CTATTTTCATG AATTTCTAAA AATTCTTGTT 2040  
 35 CTTTTATCAA GCTTTGGATT AACTCGTAAA AATTAAGACA CTCTTGTC ACCTTTTTTG 2100  
 aCAATCCGAT AAAATCAGCT TCTCCAAGTG CATCAACAT ACTGATATTG TTTTGAAGTG 2160  
 CATAGTTTTG AACTTTTTCA ACAGATGAAG GACCTACACC TCTTTTTGGA ACATTaATAA 2220  
 40 TACGTTGCAA ACTAATGTCA TCATTACTAT TGGCAATTAT ACGCAAATAA CTTAATAAAT 2280  
 CTTTGA 2286

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 627:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 627:

TGACATTAAA AGTTGGGTGA AnAAACAAGG CATACTTTAG TTAAGCTTGA TGAAAATAAC 120  
 AATGGAATTA ATGCGATTAT TCAAAAAGAA AAAGCAAAAG ATTTAGATAT AAATTATTCT 180  
 5 GCTAAAGGTA CTACCAATTG TATTATTTAG TGGAGAATTA GACAAGCTGT AGCAGCGTTG 240  
 ATTATTGCCA ATGGTGCTAG AGCTGCTGGA AAAGATGTAA CTACCTCCTT ACTTTTTGGG 300  
 GGCTTATGCC nTTAAAAAAG TGCCACCGTT AATGTTAAAA GCAGTTGCCA AAATGTTTGA 360  
 10 TThATGTTGC CCCAAAAGAT TTACGATGCC CCTTCCCAA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 628:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 453 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 628:

AATAATTTGG GCGCTnTTTG CGTCGGGATA TTATACCGCT TCCTTAATTG TTCAACATTG 60  
 25 TAATCACTGT TTTTCAATTG ATATTTTGCA GAGTAAATTG GTA CTCTCTGG GTTATATGAC 120  
 ACTTCGTCCT CTTTATAGTT TTCCAATTCT TTGAAATTCC CGTATTGTAC AAAGAAGTTA 180  
 AATTCTTCGA TTTCTTTTTT TACTTTTTTCG TCATCGATTG GTTTTAATGG AATCATTTTA 240  
 30 TTAKTTTCCA TTTTCACAGG ATATCTTTTT GTATGATTGT GTGTCATTCC ATCGCTATCT 300  
 TCAACAACCTT CTCTAACAAT ATAATGCCCT TTAGCCGTTT TAGTATTTCT GTTAATTTCT 360  
 AAAACTGCTC CTCTrGATTC CAGATTTTCT CCTTTTAATT GGATTTTCAT TTCAGATCTA 420  
 35 ATTAGcCAAG TACCTTTATC ATCTtTTTTA AAT 453

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 629:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1221 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 629:

TCATATGCAT TTGCAAAATA AACGCCAGAA GCAAGGTTTA GAATTGGGCC GTCCGTTTTG 60  
 50 CTCaATTAC TTGcATTCAA TAATTCATGC TGATCATGAT CAATTTGCTT ATCTAATTCT 120  
 GCaATTTTCT TCATTTGCTT ATCTGATTG TTTTCTTTTCG CCATCATTG ATCAGGACGA 180

GCTAATGGTA CTAATACTTT ATCTCCATAT GTGTCAATAA AGTTATAAAA ATAATCATCT 300  
 GTTTTTGATA CAAATCCAGC ACGCTCTTCA GTTTCACGAT ATAAATCTAA GAAAAGATTG 360  
 5 AACTCATCAC GTTCAAGGAA TCTGACTTTA ACACCATAGT TTATCGCTTT ATTAATATTA 420  
 CGTTTACGTT GACTATCAAA TGTCTTTTTTC AATGTTTCGG GTGTTTTACC TTCAAGGTTT 480  
 10 AATACGCCCA TCCATCGTAC TTGGCTCGAT GTATCATACT CAGTTGTAAA GCCATGATGC 540  
 TCGTAACCAT GTGATTTAAA CAAGTTTACT AGGGCATCAT TTTTCTCGCG ACCTTCAAAT 600  
 GGCACGATAT CTTATCATA TAGATGATAT AACCAATACG GATCTAATTT AACATATAAA 660  
 15 CATTGATGTT GCTGTAAATA TTTATCTAAC TCTTTTAAAT AATAATCAAC TAATCCTAAA 720  
 TCTGAAAAT CCATTACTGG ACCACGATTG GAATAGTAAA CATAACTTCC CATAGTAGGA 780  
 ATTTTAGAGA AAAGGCTTGC TGCAATTACT TTGTTATTGT CGTCTTTAAT ACCTAATAAA 840  
 20 ACTACTTCAA AGCCATCATT CTCACGGGTA ACTATATTTT CTTTTACTTG GAAATAATGA 900  
 CTTTCCAATG ATGGATTTTG TACAAAGTTG TCAAATTCGG TAACAGTTAA CTCTGTAAAT 960  
 TTCATGTTTT GATAATTCCT TCCTAAAAAA TTCTGTCITT AACTTTTTTA AGTGCGGTAT 1020  
 25 ATGCTGCGTA AACAGGTTTA TTAATTGGTT TAATAAGTC ACCAACATAT TCmATAATTT 1080  
 CAGCATTGTA ACCTTTTTTG AATTAACTA CACCAGCATC TTCAGCATCT TCTGTAAATT 1140  
 TrCCACTAAC ACCATAGAAA TTATAACGGT CAATGCATGA TTTAATGCAT AATTAATCAT 1200  
 30 TTCCCATGTC ACTGCATAAC T 1221

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 630:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 630:

45 TGGCCCAANT AACACAAGTA ATTGCTGCTA ATGGTAACAT CACAAAAAAT GAAATCGTAA 60  
 CTACAAATGT TAAACCTTGG AATACACCAA CCATTCTGCG TAATCGTTTA CTATAGTATC 120  
 TATTGTGAAT CCAAGTAATA ATAGCTGAAA TAATAATACC ACCTAGAATA TTCGTATCCA 180  
 50 ATGTGGCAAT ACCTGCAATT GATTTTAAAC CAGGTACATT TTCAACGCCT TTTTCTAAAT 240  
 TAGCGCCAAA CGTATGTGGC CATTGTGTGA AAATGGCATT TATAAATGTA TTAAACATTA 300  
 AGTAACCCAT CAATGCTGCA AGTGCTGCAT GACCTGGTGC TTTTTTAGCT AAAGAAAGTG 360

55

TTA CTGACCA AAATTTAAAC CAAAACGTAT GTTGATCTGC TAAACTCCCC ATGATTGTAG 480  
 GATTTTTTAA TAATGTCGCA AAGCCAAGCA CTATCCCCAA GAAAGCGAAC ATTAATACCG 540  
 5 GTACAATCAT TGCCTACCG AAACGCTTTA TCGCATTCAT CTTCTATTCC CTCCATATCA 600  
 TCTTTCCTAA CAATACATCT AATTAGATTC ATTTATAAAT AGATGTCTTA CTATTTAAAT 660  
 ATAATATATA GTAAACGCTT ACACACCTAC AACGACATTG ACGTATTTTG AAAGTATTTT 720  
 10 GTATAATCAG ATTATCTTTT CATATAGTGA AAATTTTTTC ACGACCTTAT ATATGACATC 780  
 GTTGATTTTG TAATACATTC GTTTTAAACG CATAATCAAA CCTATATCAA TACACAAATA 840  
 TATATAATGA CATAAAGAT TTTAATGTAA TAACGATCTA TTACACATTT ATTTTCAAGG 900  
 15 AGGTTGAATA TGTTTTTAGA TGAACACATT AATCGAACT TTGATAAACT TAATGATAAT 960  
 GATTTACATA TCGCTCACTT TATCAATACA CATATAGATG AATGTAAAAA TATGAAAATA 1020  
 20 CAAGATTTAG CGCAATTCAC ACATGCCTCG AATGCAACCA TTCACAGATT TACACGCAAA 1080  
 TnAGGTTTTG ACGGTnATAG TGGATTTAAA TCGTACCTTA A 1121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 631:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4005 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 631:

35 AACCTTCCAT TTTACTTGAT CGATAACATC AGTTCTGCTT TACAAATCTC TTCATTAATA 60  
 TCGCTCTTAA AACCATGAAA TTAAACATGT TCCGATAAAT GATAATCTTC TACAAGTTGT 120  
 CGATATTCTG ACAAACCATT TCCATGTCCA TAAATATTCA ATTGAATATT GGGATGTTTT 180  
 40 GTTACTAATT GCTTGATTAC TTCAATTTGA TGTTTAATTT GTTTATTTTC AACGAGGCGA 240  
 GCAATTGATA TGATATGATT TTTCTCCTTT TGATTGATGT CAAATTGATA CTTTAAATTT 300  
 GCCACGTAGC CAACCGGAAT ATTGATAACT GGTATTTTAT TTTCAATATA TTGTGAAATA 360  
 45 TCTTGGCATT GCTTTTCTGT TGATACAACA ATCGCTTTAT AACGTGTTAA ATTATTAAAC 420  
 ACTGTTTTAT AAAAATTTT TATACCATTA CCGGCACCGG ATAAATGTGT ACTATGGAGC 480  
 ACAACAATAA CTGGAATACT TTGATTTAAT CCCGCTATAA CATTCCTAA TTCATGAGGA 540  
 50 CGATCTAATA TGATTTGATC ATTATTTTTA CATAATTGAT GGAGAAAATA TTGAACTAAT 600  
 TCATCTTCTG TATCAAAAAA TTGTTGATGC TGGTCTTCAT TTAAGATAAC CTTTGTGAGC 660

	TAGTAATTTT	CGAGTACAAT	CCGTTGTCCT	TCACCTAAAA	TTCGAGAACA	ACTTAAAAAG	780
	CCTCTTCCAT	CATACAATTC	GCGTTTACT	TTTCTTCTTT	TATGATCAAA	ATAATTCACA	840
5	TAATTTAATT	GATGATACTG	TTTATCTAAA	AAATGAGCAT	ACATTACAAA	TGCTCTTCA	900
	TCATATATTC	TGACATCATT	TGAATTTTCC	ACAAATTTCA	ATGTGTACCT	ACATGACTTT	960
10	TCCCAATACT	GTATCCAGTT	AACTTGCTTT	GTCTTTTAT	AATTGATTGC	TTTTTGAAAA	1020
	TAGTCATACA	TTGTAAATAC	ATCATTTTCA	ATCTGATGTT	GCTTCGCATA	TGTGTATGAA	1080
	TAAGGATTCC	ATTTAACATA	TACACATTTT	GAAGATATGC	CGTGTGTTT	GAACAACCTTC	1140
15	AATCTATTTA	TTTGCCTTTT	TTCTACACCT	GTAATTTTAC	TTTCTAAAAT	TGTTCTTAAA	1200
	ATGTAATTC	TATTATCGCC	TCATATAAGT	TTTATTCCGT	ATCTTTATTG	TTTATTTTAT	1260
	ATGAAAAATA	CATCTATTGC	ATGTGTAATT	ATAAAAAAAC	CAGGCCACAA	GGACCTGGGT	1320
20	CATATTGTAT	TATTTGTTTT	GTTTTTTGCG	ACGACCGAAT	AACAATAATG	AACCTAATGC	1380
	TGCAAATAAT	CCACCAAATA	ACGTTGCGTT	ATTTGAGCCG	TTATTTTCAC	TACCTGTTTC	1440
	TGGTAATGCT	TTTGCTTTAT	TGTGATGGTC	TTTAGTAGTA	CTCATTGGTT	TAACAGGTGT	1500
25	ATGTTTTCT	GCATCCGAGT	CTGAATCGCT	GTCTGAATCA	CTGTCTGAGT	CTGAGTCGCT	1560
	ATCAGAGTCT	GAGTCGCTGT	CCGAATCTGA	GTCGCTATCT	GAGTCTGAGT	CGCTGTCTGA	1620
	ATCTGAATCA	CTGTCTGAGT	CTGAGTCGCT	ATCTGAGTCT	GAATCGCTGT	CTGAATCTGA	1680
30	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	ATCTGAGTCG	CTATCTGAGT	CCGAATCGCT	1740
	ATCTGAATCT	GAGTCGCTGT	CTGAGTCTGA	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	1800
35	GTCCGAATCG	CTATCTGAAT	CTGAGTCGCT	GTCTGAGTCT	GAATCGCTAT	CTGAATCTGA	1860
	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCCGA	ATCTGAGTCG	CTATCTGAAT	CTGAGTCGCT	1920
	GTCTGAATCT	GAATCACTGT	CTGAGTCTGA	GTCGCTGTCT	GAGTCTGAGT	CGCTGTCTGA	1980
40	GTCACATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	TGTATCTTCT	TCGAAGTATC	CGTTATCAAG	2040
	TGTGAAATCA	TCATGATCCG	TAATTGTTAC	GTCAACTTCG	CCACCATCTG	CATCTTTATC	2100
	ATCTTCAGTT	GTATTTGTAA	CTGTTTGTGT	TAAGCCAGCA	GGCTTTTCAA	AAATAACTTT	2160
45	GTATTTACCG	CTATCTAAAT	TATCAAAGCA	GTATTTACCA	TTTTCATCTG	TTTATAGTTGT	2220
	TCCAATTACT	TCGCCTTTTT	CATTTAATAA	AGTAACTTTA	ACATCTTTGA	TACCTTTTTTC	2280
50	AGTTGAATCT	TGTTTGCCGT	CTTTATTACT	GTCGTACCAA	ACATAATCAC	CTAAACTATA	2340
	TTTTGGTGTT	TTATAGAAAC	CACTGTCTAA	TGTCATGTTA	TCTGCATCTT	TAATGACACC	2400
	TGTTGTTGTT	AAACCATTAG	AATCTTTTTT	AGTATCATTT	CCAGAAGTTA	CTGAAGTTGG	2460

55

	TTGATATTTA CCATTTTCAT CTGTTGTAAC TGTTTTTAAA ACTTTGTCGT TTTCATCTTT	2580
	TAACGTAAC TTTACACCTG AAATGCCCTT TTCATCTTTA TCTTGAACAC CGTTTTTATT	2640
5	TGTATCTTCC CATACATAGT CACCTAAGTT GTAAGTCGGT TTGTAGAAAC CAGAGTCAAT	2700
	AGTATCGTTA TCTTTATCTT TAATGACACC TGTTGTTGAT GTACCATTG AATCTATACC	2760
10	TTTCATCAGTT CCTGAACCTA CTTGTGTTGG TGTGTAACCT GATGGTGTTT CGAATTC AAC	2820
	TTTATAAGTT CCATTTTCTA ATCCAGTAAA TTGATATTTA CCATCTTTAT CTGTTTTAGT	2880
	TGTTTGTAAC ACTTCACCGT TTTCATTTTT CAATGTAACT GTTACGCCTG AAATACCTTT	2940
15	TTTCAGTTGAA TCCTGCTTAC CATCTTTATT TGTATCTTCC CATAcataat TACCTAAATT	3000
	ATAATTTGGT GTTTTGTAGA ATCCACTATC TAATGTCATG TTATCAGCAC CATTAAATAC	3060
	ACCTGTTGTT GTTAAACCAT TAGAGTCTTT TTCAATGTCG CTACCAGATG TTACTGTAGT	3120
20	CGGTGTATAG CCTTCTGGTG TAGTAAATTC AACTTTATAA TTACCATTAT CTAAATCAGT	3180
	AAATTTATAT TTGCCATCAG CGTCTGTTGT AACTGTTTTT AaCagTTACC GTTTTCATCT	3240
	TTAATGTTA CCGTTACGCC AGATATACCT TTTTCATCTT GGTCTTGAT ACCATTTTAA	3300
25	TTTGTATCTT CCCAGACATA GTCACCTAAG TTGTATTTAG GTTTGTAAAT ACCTAAGTCT	3360
	GCAGATAAGT TATCTTTGCC ATTAAGTGA ATAAGTGAAG ATAAGCCGTT TGAATCTAAT	3420
	TCTTCGTTAT TACCTTGTTT TGAAGGGGTT ACTTCATAAC CTTTTGGTAA GTTTGAAAAT	3480
30	TCTACACGGT AATCTCCATT AGGTAAGTTT GGAATCAAGT ATGACCCATC TTCTTTAGTA	3540
	ACTGCTTCTC CTACTTTTGT ATTTGTATTA TTATCAAATA CAGTTACAGT TACATTGCCA	3600
35	ACGCCTTTTT CTCCTAATTC TTGAACACCG TTTTATTAG TATCTTCCCA TACGTAGTTA	3660
	CCAATTTTAT ATACTTCTTG ACCAGctCCG CCACTTTGGT TATTAGTAAA TCCTAAAGCA	3720
	TTGCCAGTAG AAACGGATTT ATTACCTGTT GAAGATAAAG TAGCCATTTG AACAAGTGTT	3780
40	GGGCTTTTCGC TATTTGTATA TTGGAATTTT GTATTAACCA TTACAACATA AGCAGAATCT	3840
	GCATTTCCAA AATCAATAAC AGCGCTATTG TtGTCGCCAT ATGTAATTTT CTGCAAGTAT	3900
	TGATTTGTTA CATCTGTAAG CTCTTTAGTA TTCACATCGT ATCCTTTATT TAATGTATAA	3960
45	CCTTTAGGAA CTTGATATAT TTTTATATCT GTTACATCTT TATTT	4005

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 632:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1440 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 632:

5	TATTAGGTTA CTCTAGTTTC CAAAGCGGGA ATTTTAATGT TATTAACAGC AAGGACAGCA	60
	AAAGCAATAT CGGCGCATTG ATTGAAAATC CAGGAATATA TCCTTTTATG TCTGGATATG	120
	AAAACCTGAA GTTATTGAAT GAATCAAAAA ACACTCAAGA TATCGATAAA ATTGTCTCAC	180
10	AACTTCATAT GGATGAATAC ATTCATAAAA AAGCTAAAAC GTATTCTCTT GGTATGAAAC	240
	AAAAATTAGG AATTGCTATA GCATTTTAA ATAAACCTCA ATTCATTATC TTAGATGAAC	300
	CAATGAATGG CTTAGATCCA AAAGCTGTGC GAGATGTACG TGAATTGATT GTCCAAAAAG	360
15	CGCAAGAAGG TGTTACTTTC TTAATTTTGA GTCATATTTT AAGTGAATTA GTTAAATCA	420
	CAAACCTCTAT CCTTATTATT AACAAAGGTA AAATTGTTAC AGAAACATCG GAAGAAGAAC	480
	TTAAACAATT TAAAGATAAT GATTTAGAAA ATGTATTACT AGAAATCATA GAAAGGGAGG	540
20	ACCAAGCATA AAATGGGAAC TTAAATTAAA CAAGAATGTT TCAAATTATT TAAAAAGAAA	600
	TCAACTTTTA TCGCACCTAT TGTCTTTATT CTACTAATGG TTGCTCAAGG TTATATTGCT	660
	ACAAAATACA ATGAAATTTT TACGCCACAG GAATCTTTC CAATCTGCTTA TAATGGTTTT	720
25	TCATGGTTTG CATTTTTATT AATTATTCAA GCAAGTACAA TCATTTCAAT GGAATTCAT	780
	TACGGTACGA TTAAAAATTT ACTCTATCGT GAATATTCAA GAACAACTAT GATTGTTAGC	840
30	AAAATCATCA CATTATTTAT TATTTCTTTA ATTTATTTTG TTATTACAAT TATTGCTTCA	900
	ATTGTTATTG GGTCTTTATT CTTAATGAT TTAAATATAT TTGAAAGTAG CGGTAATCAA	960
	TTATCTTTAT TGAATCAATT ATTATTAGTT AGTTTAGGCA CATTTGTTGG CGTTTGGTTA	1020
35	GTTTTAAGCT TAACGTTGCT ATTATCATCT GCAACAAATT CAACGGGAGT AGCCATTGCT	1080
	GTAGGTATTG TTTTTTATTT TGCAAGTTCT ATTTTAGCAG TTATTCAAAC GGCACTTTAA	1140
	GAAAAAATAG ACTGGCTAAA GTGGAATCCT ATTAATATGA TGAATATTAT GCTTCAAACA	1200
40	GTTGAAAAAG GCTTTAGTAA GTCGACAAAA TTAGAACTTC ATGAATTGTT TATTGGTAAT	1260
	ATTGCTTATA TTTCTATTTT CTTAATACTT GTAGTATTTA TTTTCAAGAA GAAAAATATT	1320
	TAGTAACTTA AAGTATTAAA TGTCTAAATA CACACATATT CCATCGTAAT TCAAAATCAT	1380
45	TTTCAAATCC CTTCACCCAA ATAATGGTGC GGGGATTTTT TCATCCAAAT TTTGGAAATT	1440

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 633:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1323 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 633:

5 GCTGACATAA TTGCATCAAA TTTCACATCC CCATAAAAAT CGCTACCACA TAACCTACGA 60  
 TAATACCTAC AAGAACTGGA ATTAAAGATA GGAATCCTTT AAAAAATCCT TGAACGACTA 120  
 TTGTTACAAG CAAGGTTATC ATTGCAACAA TTAAGAAACT GATATTGTAA CCTTTCATAT 180  
 CTCCAGGATT TTCATACATT GCCATATTGA CTGCAGTAGG CGCTAAGCTT AAACCAATTA 240  
 10 CCATGATGAC TGGTCCAACA ACAACTGGTG GTAATAATTT CATTAAACCAT GCTGTCCCAC 300  
 TTAATTTGAT TAGAATCCCG ATGATGACGT ACATAACACC ACTCATGaAT AATGCTACAA 360  
 15 GCATGTCTCC TAAGCTATGC GTACTTAATC CCGTGATAAT TGGCGTGATA AATGCAAAGC 420  
 TAGATCCCAA GTATGCTGGT ATTTGCGCCT TCGTTATTAA GATATAAAGT AATGTACCGA 480  
 TTCCCGAAGC TAGTAACGCT GCTGATATTG GTAGTCCTGT TAAGAATGGT ACTAGTACTG 540  
 20 TTGCGCCAAA CATCGCAAAT AAATGTTGTA AGCTTAAAAA TGCCCATTCG GCTGGTTGTG 600  
 GTTTTTTCATT TACATCTAGT ACGGGTTTTA CTGTTCTGTC AAACATTTCA TCATTTTGCA 660  
 TAATATTCAT TTCCTCCGAT AATAAAAAAA TCTCTTTACA TCAGTATATG TAAAGAGACA 720  
 25 AAAAGTGTGA CAAGTTGCTA CAAGTCATTT TCGTCCATAG AAATTGACTT ATAGTTGTCTG 780  
 AACATGAGGG TATTATTAGA TAAACAAGCA TATGAAAAC TATTTATCAT TCAACTCCCC 840  
 CACCTTTTTTC AGTCTCTCGT ACTGAATTAA AAGGGGtATT ATTTAATTAT AACTGCATTT 900  
 30 CTTTGATCca TTtCTCyAA ATAGACACTT ACCGTTTCCT CTTTAGAAGT AGGTawATTT 960  
 TTACCAACAA AATCTGCTCG AATTGGTAAC TCACGATGTC CTCGATCAAC CAAAGCAGCT 1020  
 35 AAACCAATTT TAATAGGTCT AGCATTTAGC AAAATAGCAT CAAGTGAAGC ACGAACCGTT 1080  
 CGACCAGTAT ACAGCACATC GTCAATAATG ATGACTACTT TATCTGTAAT ATCTGTGTCTG 1140  
 ATGTCTATTG CGTCTTTTGT CGTAAGTGAT GACATGTGcT CTATATCATC TCTAAAGTAT 1200  
 40 GTAATATCAA TTGTTCCAGT AGGTATACGT TGTGCTCAA TTTGATGAAT TTtATCTTGT 1260  
 ATACGATTCTG CTAAATATTC ACCTCTTGtn TTGATACCTA AAAGATTAAA TTATCAGTAC 1320  
 CTT 1323

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 634:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 761 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

ACCCATCTCA TCGTATTTTG AATTAAATAG ACGAGATCGA TGTATATCTG AATTCATCCC 60  
 AACTATGGAT TAATGTTGGT ACATCATtAA cGCATAACCA ACATTTTGAG CAGTTGTTTT 120  
 5 ATAAGTAACG TGATTTTTAT CTAATTGCCC TCTTAATGCG TCCTCTGTAA ATTCAACACT 180  
 ATCAGAACCA TTAGAGGTCG CTTCAATATAA GTTATTAGAT GCAATATGTG CTAAATCGCT 240  
 ATTGATTTTC AATGGTTTTA ATCCTTTTAA TTTTCTCATT TCATTCGTTA CTTCATAAAG 300  
 10 AGAAATTAAT TGATTTGGAT TTTGCTCAAC TGGACGCTTA TTATGCTCTT CTGACGTAGA 360  
 ATTAGAATTT AATTGATAAG GTTCAATATC TGCTAACATT TCTTTTGTTA AAAATCGTAC 420  
 ACTTAGCACC TTTTTCGATT GTTGATCAGA ATACACTTGT GCATATATGT CGCCATATTT 480  
 15 AATCaGTGTT TGTGTTTTTA AATCTTCATC TGAAAGTTCA AATTCATATT TTTTACCATC 540  
 AACTTTAAAG GACGGTTCTG GATTAATACT TGTATGATTA AAAATTTCTG CAGAATGTTG 600  
 20 TCCTATTTTT AACGGACTAA CATTGACTTT CTCACCTGTA GCATACACTG AAACGATTTT 660  
 TTCACGTTTA GTTGAAACAA TGTAATAACT GTTTTTGTCT TTAAACACAT AATTTTTGTA 720  
 rCCATCTCTA AAAGGGTAGA CrCGATCTGC TTGTCCAAAT T 761

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 635:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 827 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 635:

nTAAATATAT TTATATATTA TAGAATAGAA AGACCTGAAG ATTGAATATC TTTCGCAAAG 60  
 CCTTTAACTG TATCTACTGA TAATTCGTTA ATATCGCGAC CTAAGTTTGT ATTCACTTTT 120  
 40 TTCACAACAT CTGCTGGGCA TGTAATAATA TCTGCACCAA TTTCATCAGC TTGAATCACA 180  
 TTGAATAATT CGCGGCAACT TGCCATAAT AATTAAACGC CGTCTTTACT ATGCGTAACT 240  
 TTnACAGCCT CTkTCATTAA TGGTaATGGA TCTACGCCTG TAtCTGCAAT ACGTCCTGCA 300  
 45 AATACTGAAA CATATGTTGG CACACCTTCA GTTACTGCTT CAGTTATTTT TTTAACTTGT 360  
 TCAATTGTGT AAACAGCCGT AACGTTTAAT CTCACATTGT CAGCTGAAAG TTTTTTAATT 420  
 AAAGGAATCG TTGATTCACC TTTTGTATTT ACAATAGGAA TTTTAACAAA TACATTTTCG 480  
 50 CCATATTGTT TAAAATTGC TGCTTCTTTk TCCATAGTTT CTAAATCGTC TGCAAATACT 540  
 TCAAATGArA TTGAAGCATC TGGAATTTCT TTCACAGCTT CTTCAGCAAA AGCTTTGTAA 600

TTTTTATAAG CTGCTTTCAT TnCTTCAATA TCTGCACCGk CCGCAAATAC TTCTACATTT 720  
 AGTTTAGCCA TATAAyATAG CCTCCTTGAT TCTTATTAAA ATTTTAACAA CATCTGCATG 780  
 5 kCTTTTTCTT ACAACCATT GTAAAAATG ATTTTATTT CTTtGTT 827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 636:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1478 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 636:

TTAGTCGGTA TAACCATCGG CTAGGTGGTT TTTGTATTAA AAAAGTGGAT aCCAAAATTT 60  
 20 ATTAATAATT ATTTTAATGT TAGAAAAAAA CTAAATAAAA ACTCGCTAAT GATATCCAAT 120  
 AATATGTATA CAAAACGAGA CATATATTGC ATATGATTAA CGAGATACTG AAAATATTTT 180  
 ATCACCCCTA AAATGATTAT TCATTTTCAG CGGTAATTCG ACCTAAAGTC AAACCTACAA 240  
 25 TAAAACCGAT GATAAATACT ACTAATGAAA CGAACCACAT CACGATATTA GTTGGTAAAC 300  
 CTGGAAATAC TGCAAAGAGG GAGCCAACAA CAAAACCAAT GATTAATGCA AAAGTCATTA 360  
 GTTTATGATG TGTTAGGAAA TACTGGATAA TTTTGCTTGA AATAATGAAT CCAGCAAGCA 420  
 30 CGCCAAATCC GACTGCAAGT AATATAGGAA GACCTGCAAA GTTAAGTTTA ACAACTTCAG 480  
 ATATTGCTAG CATGACCGTA CCATAGACGC CAAATACTAA TAACATAAAT GACCCTGAAA 540  
 35 TACCTGGGAG TAACATAGCA CTAGATGCAC ACATACCTGC AATAAAATAT TTAATAATAA 600  
 GACTAGTTGA TAGAGTAAGT GTTTCTCCAG CATGTTTATC ACCATTATTC ATTAATGTAA 660  
 TAACAATTAA GATAGCGATA CCAGCTATAA CCATCATGTA ATGTYTAGTT GTAAATGACG 720  
 40 TTTTATAGTT AGAAATTTTC AATAAATATG GAACGATACC AATGATTAAAT CCACCAAAGA 780  
 AAAACATAGT TGGAATATGG TGTTGGCTTA ATAAATAATT AAAAAGATTA CTTAGTGATC 840  
 CCATTGCCAG TAACATTCCA ATTATAATGG GGATTAAAAA TGTAAAACTT GGCCAAAAAC 900  
 45 GTCGTGAGAA TATGCCGCTA ATTGAAGCGA TAAATTGATT GTAAATACCT AACAATAATG 960  
 CGATAGTCCC ACCGCTAACA CCAGGTACCA AGTCACTCGT TCCCATAGCA AAACCTTTTA 1020  
 GAATATTAAT CCATTTAAAT TGTTGCATGA ATAACTCCTT TCAAACGATT GGAATAAAAT 1080  
 50 CATAAATAGC ATCATACCAT ATTACAAATG TCCTAGTGAA ATGATAACAT ATTTTAAATT 1140  
 CATAAAATCC ATTGAGAAAT TATGTGCACT TATTATCATT TATATTTTTA AAGAGAGCGG 1200

AGGTATAAGT AAGTTATAAT TAACTGAACG CATTATTACA AAGTCTTTTT GACTACAAAT 1320  
 TAAAATTATT ATAACTAGT TAAGAAAAC TTTATTTTTA CGGAGGGAAT ATAAAATGGC 1380  
 5 ATCAACATTA GAAATyAAAG ACCTACATGT GTCTATTGAG GATAAAGAAA TCTTAAAAGG 1440  
 TGTTAACTTG ACAATTAACA CTGATGAAAT ACATGCGA 1478

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 637:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1995 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 637:

20 ATTACAGCAT CTTCTCTAGG TAGATTATTA AAAGATAGAG GTCTAAATGT AACAATTCAA 60  
 AAATTGATC CATACTTAAA TGTTGACCCA GGTACAATGA GTCCTTATCA ACATGGTGAA 120  
 GTATTCGTAA nGGATGATGG TGCAGAACT GACCTAGACT TAGGACATTA CGAAAGATTT 180  
 25 ATTGATATTA ATTTAAACAA GTTTTCAAAT GTGACAGCCG GTAAAGTGTA TTCACACGTA 240  
 TTGAAAAAAG AACGTCGTGG TGATTACTTA GCGGGAACAG TTCAAGTTAT TCCGCATATT 300  
 ACAAATGAAA TTAAAGAACG TTTATTACTT GCAGGGGAAA GTACGAATGC AGACGTTGTT 360  
 30 ATCACTGAAA TTGGCGGTAC AACAGGTGAT ATTGAGTCAT TACCGTTTAT TGAAGCGATT 420  
 CGTCAAATTC GTAGCGATTT AGGTAGAGAA AATGTTATGT ATGTTCACTG TACATTACTG 480  
 CCTTATATTA AAGCTGCTGG AGAAATGAAA ACGAAGCCAA CACAACATAG TGTAAAGAA 540  
 35 TTACGAGGCT TAGGTATTCA ACCAGACTTA ATCGTTGTAA GAACTGAATA TGAAATGACA 600  
 CAAGATTTAA AAGATAAAAT TGCATTATTC TGTGACATTA ATAAAGAAAG TGTATTGAA 660  
 40 TGTCGTGATG CAGACTCTTT ATACGAAATT CCATTACAAT TAAGCCAACA AAATATGGAT 720  
 GATATCGTTA TTAAACGTTT ACAATTAAAC GCGAAATATG AAACACAGCT TGATGAATGG 780  
 AAACAGTTGT TAGATATCGT TAATAATTTA GATGGTAAAA TTACAATTGG TTTAGTAGGT 840  
 45 AAATATGTTA GCTTACAAGA TGCATATTTA TCAGTTGTTG AATCATTGAA ACATGCTGGA 900  
 TATCCTTTTG CCAAAGATAT TGACATTAGA TGGATTGATT CAAGTGAAGT AACAGATGAA 960  
 AATGCAGCCG AATACCTTGC AGATGTCGAC GGTATTTTAG TACCAGGTGG ATTTGGTTTC 1020  
 50 CGTGCAAGTG AAGGTAAAAT TAGTGCAATT AAGTATGCTA GAGAAAACAA TGTACCATTC 1080  
 TTTGGTATTT GTTTAGGAAT GCAACTTGCA ACAGTTGAAT TTTCAAGAAA CGTATTAGGC 1140

	TTACCAGAAC AAAAAGATAT CGAAGATTTA GGTGGTACAT TACGCTTAGG CTTATATTCA	1260
	TGTTCAATTA AAGAAGGCAC ATTGGCACAA GATGTTTATG GTAAAGCGGA AATTGAAGAA	1320
5	AGACATCGTC ATCGTTATGA ATTTAATAAT GACTATAGAG AACAAATTAGA AGCAAATGGT	1380
	ATGGTGATTT CTGGTACAAG tCCAGATGGA CGTTTAGTAG AAATGGTAGA GATTCCGACA	1440
	AATGtTTCTT TATTGCTTGT CAATTCACC CAGAATTCTT ATCTAGACCA AATCGTCCGC	1500
10	ACCCGATTTT TAAATCATTT ATTGAAGCTT CATTAAAATA TCAACAAAAT AAATAAATTT	1560
	GCTAATAAAA CCGGTACTTT CATTGTTAAA CATTGAAAGT ACCGGTTTnT CGTATAATTT	1620
15	TAATATTATG TTAGTGACAA GGTATGAAAT AACAAATAGTG ACTTTTATAA TTCTAAGTCT	1680
	CTTGTCATTT CAATCATTTG TGTATAAATG TCATAGTATA CATAATTCAA TGCCATCGCA	1740
	TGTGGTyGGA CAATCTTATC GTAATCTTCA GTGTAGACTA TAGGTcTTGG TGTAGATAAA	1800
20	TCGATAAAAT GTACGAGATG ATCAGGGAAA TCATCTGTTT TAGGTTTGTT GCTTATTAAG	1860
	ACCACATCGA TATCTAAGTC GATAAGTTTT TGAATATCTA ATGCAACTTG ATyATTATAA	1920
	AATGGTGCGA ATAATAATAC ACGATCAGTT GAGTCAATTT CTTTAAwkTC TTTAATAGCG	1980
25	TaAGTTTnCG GCTAG	1995

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 638:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1107 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 638:

	ATTAGTGATG AAAGTCAGAT TGAAGCTTTA TTAACAGCTG AAAAATATTC AGAAATGATT	60
40	GGTGAATAAT CACCGTGTA CTCCTTAATC TAAGATTGAG GAGTTTATTT TTAGTCTGAG	120
	AAAATAAATG ATATGAAAGA AAAATTATTA GGTACTATTA TTTGGAGTAT TGCTACATTT	180
45	TATTATTCAA GAATGATGGA AATAATGAAT TTAGCTATTT TAAAAATAAA AATTGGGGGA	240
	AGTTAATATG CTAAACATTC AAGACGTTAn CATnCTTTCT AAAAAGGAGC AAAAAGCATA	300
	TAACCGTTTC GTAGAATCTG TAGAAAACGG TAATTACCA GTACTACCAT GTATTGAAAT	360
50	GGATCTAAAA GAGATGCAAG AAGAAACATT AAACCAGAGT AAGATTGGTG GAATGCCATT	420
	TTTAAATCT TTTAAAGATA TACCATTAGA TGAAAATAAT GTACCAATGG TATTGCTAGC	480
55	ACAGATTAAT TTGGATGATC TTCCAGAACA ACAAGAATTA TTTCTGTAA AAGAAGGGAT	540

	AAACAATATA AACTCAAGGC TTGTTTATAT AAAAGAGCCA ATTACAGATT TATCACTCGA	660
	AAATATTCAA GCGCATTGGA AGTCATTAGA TGCTGATAAT GAGGATATCC CGTTCAGTGG	720
5	AGCATTCTTCT ATAGAATTGA GATTGTGCGAA ACAAACTATT ACATGTACTG ATTATAAGTA	780
	CGATGAGGAC GTGCTTGCAT TGTGGAATAA AGTCAATCCA TCCTTCGCGC TAAAATCAAT	840
	GTTTGGTGGT TATGATGAAT TGATGGAACC TGTGTGTAmC AywTTTACTG CTAAGgAACC	900
10	ATTTAATCAA CTTGGTGGTT ATCCATATTT TGACCAAATA GATCCAAGAA CGAACGATcA	960
	AGAACTGAAA ATGTATGATA GAGTCTTACT GCAAATTGaT TCTACAAGAG ATGGTAATTC	1020
15	TTCGATTATa TGGGGTgATT TAGGTATTGc CAATATCtTA GTGaAATCTA CTGrACCTTG	1080
	aGGcTAtGaa GTTTTGAATG ATTACCT	1107

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 639:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 904 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 639:

30	ATTCAATATTA TTATAAATTA TTTCTACACC ATCCCAATTG AGTTGTTTTT CATAATTTAA	60
	ATGTAATTCC ACTAACTCCC TACCAATTTC AACAAATCCA TATACATCCT TTAATATCGG	120
	TATTCGCGGA AAACCTTTAC TCAAATCACT TGAATATTG TTCACATAAT ATTTATGATG	180
35	CAAAATTGCA TATATATAAT ATACTATCTC TTCTGAATTA AGATTTATTT TCTTTTTAAA	240
	AGAATTAGgA AATATTATCT ACaRGCTCA AACTATCTTT ACCTTTGtAT GTAGCAAAGC	300
	CTTkGCCATT ACCAATAAAc TGGAAATTAG GTAATATGTC CGTGATCATA GCCGAGAATT	360
40	CTTTATTCAAT TCCCTGTCCT TGTATATAAA TCACCTGTCC AGTATTCTCC ATTATATTAT	420
	AATATCTACT TGGCATTTC ATAATATTTT TGTCGTACAC TATCCATTTT TTTGTAAATG	480
45	GTCTATGCAT AAATTTAACA ATTCTCTCTG GATTAATTGA AATATTTTTT CTTTtagAAA	540
	ATTTTTGGGT AAGTCCTCGT GTCCAACTaA TaAATGTTTC ATCTTGTTT ACTAAATTTA	600
	TACGTCTCT TGAATCTAAG ATATCAATTA ATCTATCTAT TTCAGAATTA TAGTTATCTA	660
50	CAAGTAATTT TGcATTTACT AATGCTTTTT CATTCGAAAA ATTtGTTACC CAATTATCTC	720
	TTGCTGaATT TACTCCATTA AATkGAKCTA AATATATAGA ATTTTCAATA TCCTTGGAAT	780
55	CATACATTGG TAAATAATTC CCCATAGTTT ATGTCTCGGT GATTAATCCA ATCATTGGGG	840

AAAG

904

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 640:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 436 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 640:

CGATGTCTTT ACTATTAGAC TTAGCCATTG GTTTCACCTC TCCAAAAATT GTAAATGTGT 60  
 ATCATCAATA TGAAAGTTAC ATAAACTGA CATATTTCTT TAAAAATATCA ACGCCATTGA 120  
 TAACTTCCTG TTTTAATTGA TACGCTGTAA CAAAATACTA TAGTTAGTGC TTACATGTAT 180  
 ATGTTAAAGC AAGCAGTGGT AAATGTAAAT TATAATTATT CATTAACTTT GCAATATATT 240  
 AAATCTTTTA TTCATAGAAG ATAAATATCA AATCAATCAT AATTATTTGA CAACAAATAG 300  
 CTAACGATTG TTTTAATCTA CATTTGGCTT ATAGCATTTT AAACCTATAC TCTATTTTGA 360  
 TACAATATAA GTGTAAAATC AATCATAAAA AGGATATTCA ATATCTGCAT CCAAGAAAAA 420  
 CATTACAATT ACCTTT 436

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 641:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 442 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 641:

GTTATTAAAT TCAGAGTGGT AGCAAATTAA AGTTAATCAA GAGTTAAGAT GAATTTAATT 60  
 CATGAACACG TCTATTATTT TTATAATTGT AGCAAATAAA GCTTTACATC AAGGAGGTAA 120  
 TTAAATATGT TCAAAAAATA TGACTCAAAA AATTCAATCG TATTAAAATC TATTCTATCG 180  
 CTAGGTATCA TCTATGGGGG AACATTTGGA ATATATCCAA AAGCAGACGC GTCAACACAA 240  
 AATTCCTCAA GTGTACAAGA TAAACAATTA CAAAAGTTG AAGAAGTACC AAATAATTCA 300  
 GAAAAAGCTT TGGTTAAAAA ACTTTACGAT AGATACAGCA AGGATACAAT AAATGGAAAA 360  
 TCTAATAAAT CTAGGAATTG GGTTTATTCA GAGAGACCTT TAAATGAAAA CCAAGTTCGT 420  
 ATACATTTAG AAGGAACATA CA 442

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2472 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 642:

CCAATTTTGG TATGAATTAT ACAGATAATT CnGCGCCCGG AGGATCATTT GCTTATTTAA 60  
 ATCAATTCGG TGTGGATAAA TGGATGAATG AAGGGTATAT GGCATAAGGA GAACATTTTA 120  
 ACTACTGCCA ATAACGGAAG ATATATTTAT CAAGCTGGAA CTTCATTAGC CACACCTAAA 180  
 GTTTCGGGAG CACTAGCTTT AATCATTGAT AAATATCATC TTGAAAAACA TCCAGATAAA 240  
 GCGATTGAAT TGTTATATCA GCATGGGACA TCTAAGAATA ATAAACCATT TAGTAGATAT 300  
 GGGCATGGTG AGCTTGATGT GTATAAAGCA TTAAATGTAG CAAATCAAAA AGCAAGTTAA 360  
 TAAATCAAAG GAGTTTTTGA TTATGGCAA AATTAGTTACT GAAAACATTT CGAAGCGGTT 420  
 TAAAAATCAA GATGTATTAA AGCATATTAA TATCACTTTA GAAAATAACG AAGTTTATGG 480  
 ATTACTTGGT ATTAATGGAG CCGGTAAAC GACACTTATG AAAATTATAT GTGGCATACT 540  
 TCAACAAGAT TCAGGGGAAA TTAAATTAGA TAATAGACCA ATGACACGAA ATGATTTGCA 600  
 CAAAGTTGGT TCGCTTATTG AAACACCTGC GACATATAAT CATTTAAGTG CACAAGATAA 660  
 TTTGAAAATT GTGTGTTTAA ATGAAAGCGT TGATTTCaGC GAAATTAATA GTGTTTTAAG 720  
 CTTAGTCAAT TTAAATGTCG ATAAAAAGAA AAAGGTAAAG GACTTTTCTT TAGGTATGAA 780  
 ACAAGACTT GGAATTGCAA TGGCaTTAAT TAAAAaGCCA GAAATTTTAG TATTAGACGA 840  
 ACCATCTAAT GGTTTAGACC CATATGGAAT CCAAGAACTT AGAGAACTTC TAAAATTATT 900  
 AACAGAACAA GGTACTAGTA TTATTATTTT AAGTCACATT TTATCTGAAA TCCAAGTTTT 960  
 AGCAGATCAT ATCGGTATTA TTCATGAGGG TGAGCTAAAA TATCAGCAA GAAATAACAA 1020  
 AGATGAAAAC TTAGAAGAGA TATTCTTCAA AATAACGAAA GGTGATTACA AATGATACAT 1080  
 TTAAAGATaG AAGGTATCAA ATTTAAAAAT TCTTTCAGTA TGTATGTTTT ATTAATAAGT 1140  
 CcGcTGGTAT TTCTTTGTTT TGCTATTTTC ACAGTCTTAT TCGCCAAAAG TAATACGGGA 1200  
 ACAGCGAATA GTGTGTCACC ATATATAACT TTAATTTTA ATATTGGCC AATTGCTTTC 1260  
 ATCCCGATTG TATTATGTAT GGCTTGTAAT TCGTTATTTA AAATTGAAAT GAGAAATAAA 1320  
 TCATTTAATT ATTACTTAAG TAATAATTGG TCGATTACAA AAGAAATAAG AGCAAAGATT 1380  
 TTCATTTTAT CAATAGCATT TTTGGTACAT TGCTTTTTAG TATTTATTAT TGCTTATATA 1440

TTGATGTATG TAGTATCTCT ACCATTGATA CCGCTCAACT TTTTATTAAC TCGATACTTT 1560  
 GGTGTGTTTCG TATCAATATT AATAAACTTA GTATTATCAG TCATTTGTGT CTTGTTTTTA 1620  
 5 ACATTGAAGA GTTTATTTTG GGTGTTGCCG TGGGGGATAA TGCAGAGAAT CCCGCTTATT 1680  
 ACGCTTGGTA TACTACCTAA TGGCTTAGTT GTAAACCATA ATTCAAAATA CTTTAATGAT 1740  
 10 CTCAATGCCT TATATATTTT GATTATTGTT AGCATCATT TTTTCGCGAT AGTAACATTT 1800  
 TTAAATAATA AGAAAAGTTG GCGATTAAAA TGATAATTAA CGAATTAAAG TCATGTAAGT 1860  
 TGAAATTTTC TAAGCAAGCG CTCACATTTG TACCCATTAT TGTAAACCATA TTGTTTATAT 1920  
 15 TATTTATAAA TTGGTATTTA AACGTAAATT TATGGAATGG TCGACAAATm AGTTTGTTTA 1980  
 CAGCGAGTTT TAATGCAATT ACATCGCTAT TAATTTCTAT AAACGTCTAT CAAGTTATCA 2040  
 ATTTTGAAGA AAATATTGGT CACTTTAATC ATATTTTAGG AAAAGCTAAT AGGCTAAATT 2100  
 20 GGTTAAATGC ATCAATGATT TTTACTTATA CTATTACAGC CATATGTATT CTATTAGCAT 2160  
 CAATTAATTT ATTGTGGCAT TCACATGATA TGAAAATAAC ACTTATGTTT ATAGGcGTaT 2220  
 CATTGTTTTT CAATGTaATT ATATTACTGC TACTTTTTTAT TTTTAGTATT TTCATTAAAG 2280  
 25 ATGTAATGGC TATTGTTGTC GGAGTTTTAA TGTTTATTTT TAACGTTTAT TTTGGATTAG 2340  
 AAGTGCTTGG AGATCATTCG TGGTTCATT TACCAATCAC ATATGCTACA CGTTACGTTT 2400  
 ATATGTTTAn CGAAGGGGAG TATACCAGTT ACATTAACAT TGGGCAATCT ATATnATTAT 2460  
 30 CACGnTGCCG AT 2472

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 643:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 646 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 643:

ATAATATAGG AATTATTTTCG ATnACAGATT TTACGAATCG TGCTACGATG CAAAATGAAn 60  
 45 ATAAAGATCC ATATGGCGAA AAGTTAGCTT ATGGAATTGC TTTTAATGGC AGTGTGGATA 120  
 TGCAAGGGGA TAAACAAGTC ACAATTCCAA AATATAGTGT AGTTACAATT ACTGGCGAAA 180  
 50 ATAGTAAAAA TTATCGTGTT ACCGCCGATA ATAAGACTTA CTATGTTAGT AAAGATAAAT 240  
 TAGAATATTT TAACCCGGCA GGTTTATATC AAACGCATAG TTTTAAAAAA TTAGCACCAT 300  
 ATATGAAATC AAATTATAGT AATTACTATG CATACTTTAA TAGTCAATTA CATAAAAAGC 360

55

CACAACAACC GATACAATTA CTTTTCAATG ATAATAATCA GTTATACGGT TTTGTTTATC 480  
 CAATTGTAGA TAAAAAAGAA TTAAAAGATA AGTTTAATAT TAACAATAAC ATTTGGATTA 540  
 5 CTAAAGTTGG GAATGGATAT TGTATTGCCA ATTTGAAAGA AGACAAATGG ATTTATATTG 600  
 AATTGTAGGT GTAAAGATGC TAGATAATAT TATTTTATAT TTTAAA 646

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 644:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 426 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 644:

20 TAATATCGGA ATTTGATAAT GAAGATATCT AATTTTTTAA TATTCGTAGC TTTTATTTTT 60  
 CTACTTATTT TATGTTTATT TTTAATCTTA CAAATGACAA ACCATTAAAA GTAGCATCCC 120  
 AACATCAAAC AAAAAACAA TTCATCAAAT AAAAATCGCT ACAAACCAA GTCATTAAAC 180  
 25 ACGCAATAAT TAAATTTTC CACTCATTAT AATTCTGAAT TCCAAATGTC GAATTCCGAA 240  
 AACCAAATC CAAATCCAA AAACGCAACT CCAAATTA AAGCATTTC CTACCATTTCG 300  
 GGAAATGCTT TTTACATACT GgATTACTCT GTCATTAATG ATTTTACAAC GGgAAACCAT 360  
 30 GTCGtCATGT ATGACCaaAG TAGCGTCGCT AtCaTaAgGt GGTTCGGATC TTTATTGGAT 420  
 AATnAT 426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 645:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3241 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 645:

45 nTTATTTACC CACAACATGT TCGGACATTA GGTAATGGG TACCTTATTT ACTTGGTATT 60  
 GTTATGTTAG GTATGGGATT AACAATTACA CCTAATGATT TCAAAATGGT CTTTAAAGCA 120  
 50 CCTAGAGCAG TAATTATTGG TGTCTGTCTA CAATTCAGTA TTATGCCAC ATTAGCATTT 180  
 ATAATTGCAA AGTCTTTTCA TTTACCACCT GATATTGCTG TTGGCGTAAT ATTAGTTGGA 240  
 TGTTGTCCGG GTGGGACATC AAGTAATGTA ATGAGTTATT TAGCCAAAGC TAACGTAGCA 300

	ATATATCTAT	TTGCAAATGA	ATGGTTGGAA	GTATCTTTCG	TGAGTATGTT	GTGGTCAGTT	420
	GTTCAAGTTG	TATTAATTCC	AATTGCTTTA	GGTATTGTTT	TGCAAATTAT	TAATCGTAAA	480
5	ATTGCTGAAA	AAGCTTCTAC	AGCTTTGCCA	ATTATATCAG	TTGTTGCTAT	TTCAATTAATT	540
	TTAGCAATAG	TTGTAGGTGG	CAGTAAGCAC	CAAATCTTAA	CTACAGGATT	ATTAATATTT	600
	TTAGTAGTTA	TTTTACATAA	CGTATTAGGG	TATACGATTG	GATATTGGTT	AGCTCGTCTT	660
10	TTAAAATTAG	ATCGACAAGA	TCAAAAAGCA	GTCAGTATTG	AAGTTGGAAT	GCAGAACTCT	720
	GGTTTAGCTG	TGTCATTAGC	aGCATTGCAT	TTTAATCCAA	TTGCAGCAGT	ACCAGGCGCA	780
15	GTGTTTAGTT	TCATTCTATA	TATAACAGGG	CCTATTTTAG	CAAAGTATTG	GTCAAAAAAG	840
	TTATAATTGC	ACTAATAGAA	TGAAGTGGTC	ATCGGACTAT	GTTAAGCTTT	GATAAAGAGA	900
	AAAAATAGAG	GAGTAAATAT	ATGTATAGAG	CAGTTATATT	TGATTTTCGAT	GGAACAATAA	960
20	TAGATACGGA	ACAACATTTA	TTTAATGTTA	TTAATAAACA	TTTAGAGATG	CATAATGCCG	1020
	ATCCTATAAG	CATTGATTTT	TATCGTTCTT	CTATTGGAGG	AGCAGCTACA	GATTTGCATG	1080
	ACCATTTAAT	TAAAGCGATT	GGTTCGGAAA	ATAAAGATAA	ACTTTATGAA	GAACATCATC	1140
25	TTACTAGTAC	AACATTACCG	ATGATTGATA	CGATTAAATC	ATTGATGGCA	TTTTTAAAGC	1200
	AACGTCACAT	TCCTATGGCA	ATTGCCACAA	GTAGTGTGAA	AGCGGAAATA	ATGCCACCT	1260
	TTAAAGCATT	AGGTCTAGAC	GATTATATAG	AGGTAGTTGT	TGGTAGAGAm	GATGTTGAAC	1320
30	AAGTTAAACC	TGACCCTGAA	TTATATTTAT	CTGCAGTACA	ACAATTAAAT	TATATGCCGA	1380
	CACAAATGTTT	GGCTATTGAA	GATTCTGTAA	ATGGTGCAAC	AGCCGCGATT	GCAGCTGGAT	1440
35	TAGATGTTAT	TGTTAATACG	AATAAAATGA	CAAGCGCACA	GGACTTTTCT	AATGTAGATT	1500
	ATGTAGCAAA	AGATATTGAT	TACGATCAAA	TTGTAGCGCG	TTTCTTTACG	AAATAGGAGG	1560
	CGTATCATGA	TGGGTTACAT	TATATTGTTT	TTTCTAGCTG	GTCCAGTAAT	TTTAGGCGTT	1620
40	GGAAATTTGG	TGATTGGTCC	TATATTTAAC	AAACAGACAC	CATTTTCGCGT	GCAAGTAAGA	1680
	TCTTTTGTTG	KTGGkTcmAT	GrTTTACTTA	ATACTCGCAA	CAATTGGCTA	TTTTTTACTA	1740
	TTACAAGGTA	AACTTTAACG	AGAAAACCAC	CTTACCTCAT	TAAATGGACG	ACCATATGTA	1800
45	TGTGAAATGG	TAGAACGTTT	ATGTTTATGT	ATGAGATAGG	GTGGTTTAAA	TAGTTACATA	1860
	TATTTTAATA	ATAACGTCAC	GATGATAAGT	ACAATTAAGA	TAATATCTAT	GCCTACCATA	1920
	ATTGTAGCTC	TTGTTGCAIT	ACTTCCTTGT	TCTTTTGCTG	ATTTTCATAGC	ACGGTAGTTT	1980
50	GGCACAAAGC	TAATAATTAG	TAAGATTAAT	ACAATTACAC	CAATTAATGC	TGTTGTCATG	2040
	ATGAACGACC	TCCTTTATTT	TTTTCAATCA	ATTCCCAAAT	AAACGTAGCA	ATCACACCGA	2100

55

	CAATAATTAA TGCAATCGGT AAAGTCGTAC CGAGTTTAAT CTTGCGCTCT GGAGAATTAA	2220
	TAATAGTAAA TACTGTAAGA CAAATGAGTA TGAAAGCAAG TGTGCAATA ATAGTTCCTC	2280
5	CAACTAAATA TAGGATGTCA GGTTTTTCCA TACCGATATA ATTTATGATG AAAAATGCTA	2340
	CAGCAAAGAG TACCGATATT TTTGTAGCAC GTAGCAGTAT TTGTTTAAAC ATTGATATAC	2400
	TCCTTTTTAA TATTATTAAA ATTATATCAT AATTACCAAG AATAGCTGAA GTTGATGTG	2460
10	ACTCAACGGT ACTTGAGCAA CTTTTTAAAT TTTTATAGAA AATCACAAAA TAATTGTTTG	2520
	CAAAGTTGCA AAAGCCTGCT ATAGTAGTTC TGTAACGAT TGCATGGTAT GCAAAATATTA	2580
	ATGTACCAAA ATCGATAATT TATAGTATAA TTACGGCAAT AAGTTTTTTT ATGGATTTAT	2640
15	TTAGTATCAA TCAGAGATGG GGTAAGAAGT TATGGAGAAC AATGAACTAC AAAGGGGATT	2700
	GAGTGCCCGT CAAATTCAAA TGATTGCACT TGGTGGTACG ATTGGCGTGG GGCTTTTCAT	2760
20	GGGTGCGACA AGTACAATTA AATGGACAGG CCCATCAGTT ATCCTTGCAAT ATTTAATTGC	2820
	GGGTATCTTT TTATTTTTAA TCATGAGAGC AATGGGGGAA ATGATTTATT TAAACCCTAC	2880
	AACAGGATCA TTTGCAACAT TTGCAAGTGA TTATATACAT CCTGCAGCAG GTTATATGAC	2940
25	AGCATGGAGT AATATATTCC AATGGATTGT AGTTGGTATG AGTGAGGTCA TCGCAGTAGG	3000
	AGAATATATG AAGTTTTGGT TCCCGGAATT GCCAACTTGG ATTCCTGGTG TTATTGCTAT	3060
	TTTATTATTA ATGGCAGCGA ATTTATTCTC GGTAAGCG TTTGGAGAAT TTGAATTTTG	3120
30	GTTTGCTTTA ATTAAAGTTG TAACAATTAT TTTAATGATT ATTGCTGGTT TTGGTCTTAT	3180
	nnTCTnTGGT TTTGGAAATG GTGGCCATGC GGTAGGTATT TCTAATCTAT GGACAAATGG	3240
	C	3241

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 646:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1311 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 646:

	AGGCGTCAAC TCAGATGGTT TAATAATTGC CGTATTACCT GCTGCAATAG CACCGATTAA	60
	AGGTtCGAaC ACTAGTtGAA AAGGATAGTT AAATGGTGCA ATGATCAAAA CTGTTCCATA	120
50	AGGTTCTTTT TTGATATAGC TTTTGTGG AAATAAATAT AAAGGTGTGT CTACATTkTT	180
	TGTTTTAGTC CAGTTTTTAA GTTCtTACG GGCAATTTTG ATACTTyTCA AAGTTATGCC	240

AATATCGCTC TCGTATGATT TAATAGCTTT GCTTAACTTC TTTAATTGCT CTTTTCTAAA 360  
 ACTAATATCT TTAGTTTGTT GTGTATTGAA AAAAGCTTTA CTGTCATAAA ATTTTTGCTC 420  
 5 AATGATATTC ATAATGAAAA GAACCTCCTT ATATGATTAT TTTGGAAAAA GCGATTAAATT 480  
 GATTTGAATG TTGTGGCCGT TAATTTTAAA TGGTCTTTTCG AATTATATAT GTTGAAAGTT 540  
 GAAAATAGAG CGATGAATCG TGTACATAAT AATATTTATA ACTTTAATCA TAACGAAAAA 600  
 10 GGTAGGAAGA AAACAAAAAT TTATACTCAA CATCGCAAAT ATTTTAAGAA AATGTAAAGA 660  
 CAAAAGGGGA ATTGTATAGA AATCACTAAT CTGTGGGTTA GGGTAGCTAA AGGAATAAAA 720  
 ACTACTATTG AAAAAGGGTT GTAAATTAGT CAAACGTAAA TAAAAACAG TTCATTGAAA 780  
 15 GTGAAATAAA TTCTACTTTA ATGAACTGTT AGTTAAATAC AACATGTCTA TAATTAGACA 840  
 GTAATATAGT ATTATTTTGT TAATGCTTCA GTGATTTGAG GTACGATTTG TTTTTTTCGA 900  
 20 GAAACGACAC CAGATAAGAA GGCCATGTCA TCTTCTAATT GAACATTGAA TGtTCGCCAA 960  
 CTTTATCTTT TTCAGCACCT ACAACTAAAA TTTTAGAATC ACTATTAATG ATGTCAGTAA 1020  
 CAACAAGTAC AAATAAGTCA TATTTTTCTT GTGCACCTAC AGCTAACATT TCTTTTTCTA 1080  
 25 rATCTTCTTT ACGATTTAAC ACTTCGTCAA GGTCAACAGC ATTAACCTGT GCAATACGAG 1140  
 TCACATAGTC ACCCATAGTA AATGATTTAG CATCCATGTT TAATAAGAAT TCAACTGATT 1200  
 TATCAGTTGT TGAAGCACCT GCTTTtAACA TATCTAAGCC GTACTTTTGA ATATCAACTT 1260  
 30 TAGCAATATC TTTnAATTCT tCAGCTGCTT TAACATCTTG TTGTGTACAT G 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 647:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 1498 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 647:

CATATACTTT TTCATTTCTT TACGAGATAC TTTACCAGAG GATTTAGACT TCATACGCTG 60  
 45 ATCCATATGT GCTTGCGTTT CAGaATGTCC ACAAACACAA CGATATACCG CTTCTTTCCC 120  
 TTTACCAAAC AACGTTAATT TCTTTTTACA GTTTGGACAT CTTGCATTTG TTTTGCCTG 180  
 TACATTCTTT TTCGTCTTAC AAGATGGATC TTGGCACACA AGCATCTGAC CATTTTTAGT 240  
 50 TTTAACTTTA ATCATGAATT TACCACACGT TGGGCATTCT GTGGTTGTTA AATTATCGTG 300  
 TTTATATTTA CGATCACTAT TTTAATCCC ATTTACAACA TCTTTCGTAA AATCTTTCAT 360

55

CCATTGTGcA GTTAAAAGTG GCGACGTTAA TTCTTCTGGT GCTAATTCTA ATATTTGTTT 480  
 ACCTTTTGAC GTTACTTTAA TTTTACCGTC TCTTGATTCA ATGGCATTCA TATTAAATAA 540  
 5 TTTATCGATA ATGTCGGCCC TTGTTGCAAC TGTGCCGATA CCACCTGTTT GTTTTAAAGT 600  
 TTGCGCATAT TTTTATCCT TCAATTGAAT AAAGTTCTGA GGGTTCTCCA TCGCTTTTAA 660  
 TAACGAACCT TCATTAAAAT ATTCTGGAGG TGTTGTTTCA TGTCTCTAA TATTTGTTTT 720  
 10 TGAAATCTTC ACTTCATCGC CTTCTGAAAA AGGCTGTTGC ATCTCTGTAA TAGATTCACC 780  
 TTGTCTAATA GATTTAAAAC CTAAAACAGT TGTTACATTC TCTTTCAAAA CAAATGTGTG 840  
 15 CCCTGCAACC TCTAAAGTTA CAGTTATCGC GTCATACTCG TGCGGAGGCA TTAAAGCTTC 900  
 TAAAAAACGC TCGACAATCA TATCGTATAA CTTTAATTCT CTATTACTTA AGTCTGACAT 960  
 GACAGGTCTC ACTTCTGTAG GAATAATTGC ATGGTGATCA GATACTTTTT GATTATTAAA 1020  
 20 TATCGACATT TTTGATGAAA ATGTTTTAGA CATTAAATGGG CGTGCTTGGT CTTTATATGT 1080  
 TGTTGCCATC GTCACCTGAA TACGTTCTTT CATAGTATCT ACCATATCAG TTGTTAAATA 1140  
 GTTTGAATCT GTTCTTGGAT AGGTTACGAC TTTATGTCTC TCATATAAGC TTTGAAGTGT 1200  
 25 ATTCAATGTT TCTTTAGGTC CAATTTTATA ACGTCTATAC ATATCTTGTT GTAAATCTGT 1260  
 TAAATTGTAC AGTGATTGCG GATACGACTT CTTATGTTTA GTAGCAACAG ATTTAATCTT 1320  
 30 ACCATCGACA TTTTTCAAAT TATTAACCAT CTGTTCTAAA GTTTCTTTAW TGGtATATCG 1380  
 CTGATTGaw TCTAGCTGAA AATCAAACCC TTTTACCGTT AATGATAATG TAAAGTATTG 1440  
 TTGTGGnTTG AACTGATTAA TCTCTGTTG GTCGTGTAAT TACTAAATT GAAACGGn 1498

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 648:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1044 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 648:

TAAAACAATT CGTTTTATTA ATACAGTTTG TAAAAGTATT CTCTTAGTAC TAATAGCTAA 60  
 TGTAATGATA GAAAATACTA GTGTTATTAA AGATTGAAT AAAATAAAAG AACTGAGAA 120  
 50 ATATTGGAAT GTATTAGATG ATTATTACAC GATTGAATTT GCACCTTATC ACGAAACAAA 180  
 ACAAAGTTTG ATTGATAATA TGGTGCGATC AGAACAATTA GTAAAGGCTA GTGAAGCAGA 240  
 55 AAATAATGCG ATTTTATTCA AACCAAAGGG TGA CTCCGTT GACAATGACA ACTTTTCGCC 300

TCAACCTGAT ATTCCGATAA AAAATCAAAA AAATAATGTC GAAGTAATTA TTCCACAAAA 420  
 GTTTCATGCA ATGCGTAATG AAATCAATCA AGCATATCAT TCATGGTTTG AATTTGTACA 480  
 5 AAATAAAAAAT AATAAGAGA ATAAGTTATC TATACAGTTT ATCAACAAAA ATGATTGTCC 540  
 AATTTTTTCA TTTGATGCAC GAGATAGTCG CCATTTGTCA TTTATAGAGG CGCCAATCAT 600  
 TGTGAATGTT CAGGCATCAG ATTTATCGaA TGATTTtAT TATGCCATGa TCaGTCaAGG 660  
 10 CGGGTATTTa TTCaAAAATT ATGaCGCGCT AGTAAAAAAT ATTGGAAAAG TATCCATCTT 720  
 GATGGGGAAA TCCAGTGGAA TAACCAATTA TAAAGATAGC GTGATGGAAA TGTATCATGA 780  
 AAACAATTTG AAATTAACAG TACTCAACTT TTCACAAATC ATTATCGCAA TCATTTTAAT 840  
 15 AATTATTATT TTATTTGATG TGAAATATTA TTTTGAACAG CATCGAAAAT TACTCGTAAT 900  
 CAAAAAGCTA TATGGTTATT CAACATTAAG AGCCAATTAC CAATACTTAT TAATAAATAA 960  
 20 TATAGTTGTT ATTTTTATTG GAATATTGAC GAATGTAATT TTACATTCTC ACTATATAAT 1020  
 GATGTTATTT GCAACGATTG TTGT 1044

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 649:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 649:

35 GAACATATTG GGTATGCAA GGnGGTCACT CTTCACACTT ATAAACAACA TTTTAATAAT 60  
 GTAAAGTTTA ACCAGCTAAC ACTTTTGTTA GCTGGTTTTT ATTTTCCTTC AATTTTTAAA 120  
 TGGTTAAGTC CCCTTCTATA TCTTATAAGA CAATCATTAT AATCAATTCA ATTAATACAT 180  
 40 TAACAACCAC AACTAATAAA TATAGTAACT TCAAAATCCA TATTTATGTC TAAAGATAAT 240  
 CTCAATGTTG TTCACGTCAA TAAATTATC CCTAGGTTTT TAAAAATTGT ACATGTTTAA 300  
 ACAATCAAAA GTGTACATTA TTAAATTATC ATTTCCAGTT AGATTTAGAA AACATTACACA 360  
 45 CCACGCATGG ACCAACGTAT TCGTCTTcAT TcATTTTAG 399

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 650:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 747 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 55 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 650:

GTACTAGGTT CTAnGATTCC CTACTGTAGT CATAGATATT TTCCAAACAG AGCCTGACAA 60  
 5 CTTTTTCATTT TTAATAGTGA TCACTATATT AATCGCTATT GCAATTTATG CATGTCGATT 120  
 TGTTTGGGTT TATTTCTGGT ACAAAGATTT TTATTTCCCG AAAAATATAC AATCTTATCT 180  
 AGACGAGGAA CATGATTCAC ATGAAACACC ACCTTCTCGA GTGCGTTACG CATTTATTAT 240  
 10 GACCATGTGT GGTATTCACG GTACAATTC ACTTTCAATG GCACTTACAT TACCATTAT 300  
 CATTACAAAA GGACAAGCAT TCGAATACCG TAATGATTTA TTGTTTATTG CATCTTTCAT 360  
 GGTATTAATT AGTTTAATCT TAGCGCAAAT TGTTTTACCT TTAATTACAC CATCTGCCGA 420  
 15 AGATACTACT TTAAAGGTA TGACTIONTCA ATCTGCCAAA ATTTTCATTG TTCAAAAAGT 480  
 GATCCAGCAT TTAAAAACG AAAGTAAAAA AGACAAAAAC GATACAAATT ATCGCCCAGT 540  
 20 ATTAAACCAA TACTATGGAG AATTGTTATT TTTATTAAAT TCAGAACCTG ATAATCAAAA 600  
 TACrAAAGAA CTCAAACGTT TAGAAGATAT TGCaAAAGTA ATCGAAACAT CTACACTTGA 660  
 GCGTTTAATT GATAAAGGTA AGGCAACATA TCAGGATATT AATAATTACC GCAATATTGT 720  
 25 CGAATTAACA GAGACACACC GTACTGC 747

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 651:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 30 (A) LENGTH: 1373 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 651:

ATACAATACT CTTTTATTAT TCAATAAGCC ACTTCCTATA GCAAATGTTT AACTTTAAAT 60  
 40 ATTTTTTCGAT GCTAACAAAA AATCACACTA TCATCTTTTA AAATGAAAGT GTGATTACAA 120  
 GCAAATCTGT AAAATTTATA AAGCAGAAAC AATTCAACTT TATCATTATG ACATTTCAAT 180  
 TAAACCTTCT ACATTATAGT TCCAAGCATC TTACACATGA ATGCAAGTAT TTAACGATTT 240  
 45 AATTGTGACA TAGCCTGTTG ATATTGTGTT TCATTGATAT AATTTTGTTG CTTCAATTTT 300  
 TCTAAGTTCG TGCTTACACG TTGCGTAAAA TTCTCTGACA TATTATTGAT ATTATATACG 360  
 CTAGGTGCAT TGACTIONTACT AGCTAAAATA GCGCTTTGTA AAAGTGTAT GTGAGACATT 420  
 50 GTTGTACTAT TTTTATTAC GGTGTTCCTA AAGTAATGGT TTGCTGCGCC CTCAAGCGTA 480  
 TATTGATTAT CCCCAAAGTA AATATTATTT AAATAAAAGC TTAAAATTC GTTCTTATTA 540

TCATTATCAT AAAAATAATT TTTGACAACT TGTGTGTAA TGGTACTACC ACCTTGCACA 660  
 TCTCTGTCGC TAATCGTTGA AAATAAAGCT CTAGTTGTAC CTTTCAAATC GAATCCATGA 720  
 5 TGATTGTAGA ATCGTTCATC TTCCATTGAA ATAAAGGCAC CTTTAACATA CTCTGGCATG 780  
 TTATCAGCTG ACACAAAAC ACTTTTATTT TCAATTTTTC TTAGTTCATC CACATTATCG 840  
 CGTGTAGATA AAAAATACAT GATACCAATA AACAATGCGA TAATGATTAG AATGGTTAAT 900  
 10 AATATTTTTA ATAGTATTCG TTTACTTTTT TTCTTTTTTC GCGGTTTGCC AACTGGTTGA 960  
 TAATACGTAT TATAGTGAGG TTCGTGTTTC ATATGCTCAA AATGTTTCATT TGAGTTTGAG 1020  
 15 TACCTATCGC TTCTTTTCAT GCGTTTGCTC CTTCTTTTAA AACTCACTTA GtATATACCT 1080  
 TGaGTTTACC AGTACTATCA CAAATAGGCT ACACTTTTTG GGAAAATCAG TCCAAGGGCT 1140  
 TACAATCGTA TACGCCATCA TACTTACTTT TTTGTTTTTT GAAAAAATTA TAGATAAATC 1200  
 20 ATTGCAATTT TAAATATTAA TCATGTCAAA TATTGTTATA TTTTATAAAA ATAAAAGACC 1260  
 ATCCCTATTA AATGCCAATA GAGACGACCT TTTATTTGTT ATTCATTTAT TAAAACTAAA 1320  
 ATCCATATTT CATTTCAAAC GAAAATATAT AAATTTTAAC AATCGrTAAC CAC 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 652:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 859 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 652:

GGCAGATAAT TTAGTCATTG TTGAATCGCC TGCAAAAGCA AnAACCATTG AAAAGTATTT 60  
 AGGTAAGAAA TATAAAGTTA TAGCTTCAAT GGGACACGTC AGAGACTTAC CAAGAAGTCA 120  
 40 AATGGGTGTC GAACTGAAG ATAATTACGA ACCAAAATAT ATAACAATAC GCGGAAAAGG 180  
 TCCTGTTGTA AAAGAATTGA AAAAACATGC AAAAAAGCG AAAAACGTCT TTCTCGCAAG 240  
 TGACCCCGAC CGTGAAGGTG AAGCAATTGC TTGGCATTTA TCAAAAATTT TAGAGCTTGA 300  
 45 AGATTCTAAA GAAAATCGCG TTGTTTTCAA CGAAATAACT AAAGACGCTG TTAAAGAAAG 360  
 TTTTAAAAAT CCTAGAGAAA TTGAAATGAA CTTAGTCGAT GCACAACAAG CGCGTCGAAT 420  
 50 ATTAGATAGA TTAGTTGGCT ATAACATCTC GCCAGTTCTT TGGAAAAAAG TAAAAAAGG 480  
 GTTGTGACGC GGTGAGTTC AATCTGTTaG CmTTCGTTTA GTCATTGACC GTGAAAATGA 540  
 nATTGAAAC TTAAACCAG AnGAATATTG GACTATTGAA GGAGAATTTA GATACAAAAA 600

aAAAGATGTT GAGAAAATTA CAGCTGCATT AGATGGAGAT CAATTCGAAA TTACAAACGT 720  
 GACTAAAAAA GAAAAAACGC GTAATCCAGC AAACCCATTT ACAACTTCTA CATTACAACA 780  
 5 AGAGGCGGcA CGTAAATTAA AcTTTmAAGC AAGAAAAACA ATGATGGTCG CACAACAATT 840  
 ATATGAAGGT ATAGATTG 859

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 653:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 747 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 653:

20 TTCAACTTCG TTTGGAAATC ATGTTCTCA ATTGTTGGAC TTAAACGAAT TTCTTTAACA 60  
 TTGATAATTT TTTGTTTCTT TTTCAATTTCT TTTCTTTTTT TCTGTTGTTT GAATTTGAAT 120  
 TTACCGTAAT CCATAATTCT TGCAACTGGT GGTTCGCAT TCGGTGCAAC GACCACTAAG 180  
 25 TCTAAATCTA CACGTTTCAGC CATTTCTAAA GCTTCACGCT TTGATTTAAC ACCAATTTGT 240  
 TCACCATCTT GACCGATTAA ACGTAATTCT TTTGCACGAA TTTTGTCATT GATTGAGTT 300  
 TGATCTTTTG CTATGGTTGA CACCTCCAAA ATTTTACGA AATTGTCACC AAGCAAAAAG 360  
 GAAGAGCAGG TATAAAATAC CCGCTCTTCC TTATACACAG TTATGTGTAA TGTGATTAAAC 420  
 CTGCCAACTG CTTTATGCGT CGCTACAGGT GAGAAGCGGG TGCTTCTACT TGGTTCGTTT 480  
 35 CGTATTCAAC GTTATTAATC ATATCAACAA TTCACATTTA AGTCAACACT ATAAGTGTA 540  
 TTATTTTTAT TTTAACCTTT TATTTTCATCC ATTGACACGT CTTGACGTAA ATCTACTTGT 600  
 TCTAATGGAA TTTTTTTCGT TTTATATCGA AGCTTATGAT AAATAAAGAA TGCTAAAAAT 660  
 40 ACTGGAATTC CCATATACGT AATTAAGAAG CGACTAAAAT TAAAATCTCC TGTnTTAATA 720  
 AAGTCAACAT CTTGCCCAAn AAnTACT 747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 654:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 501 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 654:

TTGTGCTTCT TTTT TAGCTT CTTGAACCTC TTGTGCCTCT TGTGATGTAT CACTyAAATT 120  
 ATTTGCACTT GCTTCTTCTT TTATCGCTGC TTGTTGTGCT TTCAATGCCA CTGCTTTTGr 180  
 5 TTCTTyATTT GATACAGCCA CACTTTTATC CGCTTCTGCT TGTGCTTCTC TTTTAGCTTC 240  
 TTGAATCTCT TGTGCTTCTT GTGATGTATC ACTTAAATTA TTGCACTTG CTCTTCTTT 300  
 TATCGCTGCT TGTGTGCCT TTAATGCCGC TTGCTCATTT TTAGATTTGT TAAAAATCC 360  
 10 TTCAACACGT TCTTTTGAT AGGCAACCGT TTCTTCAAGT TCGTTTTTTC TTTCTTCAAA 420  
 CTTTTCGAC AGTCTTGTn CTTTGACTTT nAAATCATCT GCTTTTTGAT AAACCTTATT 480  
 15 TTAAATACC AACCTAAAGC C 501

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 655:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 830 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 655:

CACCTTGTC TAATTAATTT TTTGATTTTT CATTTTACTG ATAATAGGTT CAGCATTAAAT 60  
 CATGATTTAA CCTCCACAT TTAATCATT ACTTCTATTA TATATGATTC ATATTAAATG 120  
 30 TCAGTCAAAA AAGTTAGAAA TTCATTTTAA TGCATTTATA TTTCGAAAAT CCCTTATGTA 180  
 TCTAAAAGCA TTTTTTAAAC TTGAATTTTA AAACACTAAA CAACACATAC GTCTCTGTGT 240  
 35 CATTTTCATT TTTTGTATGT CATATATATG TTTACTTCAT TTAAATCAAT TTCATCTTAT 300  
 AATTTATCGT GTATTTTACA AAAGATTGAC TTCAATTCAT CGTAAAAGTT ATACTTTTGC 360  
 CATTTTTTAA TGTAACATGG TGTTAGTAAT AAAAATAATA CATTGAGGTG TTTTACATGA 420  
 40 CAGCATTATT CCCTTATATC GCTTTTGAAA ATTCAAAAAGA AGCCCTTGCA TATTACGAAG 480  
 AAGTATTTGG TGCAACTGAC GTTAAACGTT TAGAAGTTGG CGAAGAACAA GCGTCACATT 540  
 TTGGTATGAC TAAGGAAGAA GCGCAAGAAG CAACTATGCA TGCTGAATTT GAAGTGCTTG 600  
 45 GCGTAAAAGT GTTATGTTCT GATTCTTTTG GTCGCGCTGA CAAAATTaAT AATGGCATAT 660  
 CATTATTAAT TGATTATGAT GTTAAACAATA AGGAAGATGC TGATAAAGTT GAAGCATTCT 720  
 50 ATGAGCAAAT TAAAGATCAT TCTTCAATTG AAATAGAATT ACCGTTTGCT GACCAATTCT 780  
 GGGGTGGCAA AATGGGCGTC TTTACCGATA AATACGGTGT TC GTTGGATG 830

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 656:

(A) LENGTH: 539 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 656:

10	GTATCCATGG GCCCGTTnCG CACAACATTT GGnACAATTA GGTACACGnG TTGTCaTCGG	60
	TCGTTTCGGT ATAATTTTAT CGAATGaAGG CCGTGCGTTA CAAACAATGA AACTACCATA	120
	CGAATATTAC ATTGGTGGTA AATTAGGTTT TGGTCAACAA TGGTATTCAT GGATTTCATAT	180
15	CAATGATTTA ATTCAAGCTA TTTTATTTTT AATAAATAAC GAGTCAGCTA GTGGTCCGTT	240
	TAATTTAACT GCACCTATAC CTGAACGTCA AAATTTATTT GGCTACACTT TAGCAAGAGC	300
	TATGCATAAG CCTCATGAAA CTTGGGCACC AAGTCTTGCA ATGCGTCTCA TACTTGGTCA	360
20	AATGTCAACA GTAGTATTGG ATACTCAAAA AGTATTACCT aATAAAATTC AAGCATTGGG	420
	aTTCCAATTT AAATATAGTA ATTTAAAAAT GGnACTTGAA GATTTAATTA AAGAATAATC	480
25	AATACCATTA ATGAGCATTa GAAACAACAT ATGTACTAAA TGTAATGTCT AGAGCGACT	539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 657:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1106 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 657:

	ATCAAGTTGA ATATCATCCA TATTTAACCC AACATAAATT GAATTATAT TTGGCAGCAC	60
	AACGTATCGT gATGGaATCT TGGTCACCAT TGATGAATGC ACAAATTTTA AATGATGAGA	120
40	CAATTAAAGA CATTGCTCAA GAATTAGGAA AGTCACCTGC CCAAGTTGTT TTAAGATGGA	180
	ATGTGCAGCA TGCTGTGGTT ACAATCCCTA AATCGGTGAC ACCAAACAGA ATCTCTGAAA	240
45	ATTTCCAAAT ATTTGATTTT GAATTATCAG ATGAACAAAT GACGCGAATT GATGGTTTAA	300
	ATCAAGATAA GAGAATTGGA CCTGATCCAA AAAAATTTGA AGGCTAGATT AAAATCGCTC	360
	AACTGATGAA AAGGTTAGAT GAATTGTCAG GGCTTGGGAC ATTAAGTTCT TAGGCAATGT	420
50	AAAAAAGCTG ATTTCTATTA ATTATTTGAT AGAAATCAGC TTTTTTGATA TGTATTTTAT	480
	AATGTACAGC TC GTTGAGCT GCTATTTTCC TTATATTAAG TGCCATTAAT ACAAACCTA	540
55	GCTCTCGTTT AACTTTATTT AaTCCTCGAA CTGACGTTCT AGTTAAACCC AAAATAGCCT	600

CTGGTTCAGA AAGCTTTTGA TTAATTTGGA CTTTAAAGTA TTCCCAATTA TAATTCTTCA 720  
 TGATTtTCTT ATTGGATTTT GAATTTGGTT TCATGCATTG TTGCCTCAAA GAACATGCTG 780  
 5 AACAGTCATC GCATTCATAT AGTTTGAAGT CTCGTTTAAA ACCATATCTA TCATTACGGT 840  
 ATGCATATCT TTTAAAACCT ATTCTTTTGT TATTAGGACA TATAAATTCA TCATTAAGTT 900  
 10 CGTCATATTT CCAATTTTGA GTGTCGAAAA TGTCACCTTTT AAACCTTTCTA GTTTTATCtT 960  
 TAATAAACAT GCCATACGTA ATAAGTGGCG TTTTATTAAA ATCATCTATA ATGGCCATAT 1020  
 AGTTTTGGCT CACTACCCAT AACCTGGCAT CAGCTACCAA ATGAACCGAA GGGATTTTtG 1080  
 15 GAATCCATTG GTTGAAAAAA TGGGAA 1106

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 658:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 658:

TTTTAACTTT ACTCTTTGAT TTAAAGAGTG ATAAATGTTT ACAGTTTAAT TAAAAC TGCA 60  
 TAAGAACTTC TAGCTTTTCT CTTTCGTTCA AAGAGAAGCA GCTGTTGCA GTTTAATCAA 120  
 30 AACCACATAA AGCTTTTAAC TTTACTCTTT GATTTAAAGA GTGATAAATG TTTACAGTTT 180  
 AATTAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTTTCGT TCAAAGAGAA GCAGCTGTTT 240  
 35 GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTAA AGAGTGACAA 300  
 ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAAGA 360  
 GAAGTTCTAA TACCACCATA TCGTGCGATC GGAACGGTA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 659:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1899 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 659:

ATAATTACAA TGGCTACTGC AATTATTGTT GGAATTATAT ATTTAGTTT AGTCATCATT 60  
 TATGCTCCCT TGATTTCAAA TTCATATCAT TAGTTTACCA TATTGAAGAT GATATAATAA 120

	AACTTTAACT GAGCTTCATG GGGCACCAGG TTTTGAAGAA GAAGTAAAAA ATTATATGAC	240
	TCAGCAAATG GCGCCGTACG TAGATGAATT TATTGAAAAT CGTATGGGTG GATTTTTTGG	300
5	TGTGAAAAAA TCTAAAAATC CAAATGCAAA ACGTGTAAATG ATTGCAGCAC ATATGGaTGA	360
	AATCGGATTT ATGATTACAA ATATCACTAA AAATGGAATG ATTCAATTCA CAAATTTAGG	420
	TGGTGTGCA AATGATATTT GGCAAGGACA ACGCTTAGTA ATTAAAAATA GAAATGGCGA	480
10	TAAAATTATC GGTGTTGTTT CTAATATACC TAAACATTTT CGTACTGGTA GTGAAGGTGC	540
	ACCGGAAATT AAAGATTTAA CATTAGATAT AGGTGCTCAA AATGAAGATG AGGTGCGTGA	600
15	GCGCGGAATA GATATAGGAG ATACAATTGT ACCTCACACG CCATTCACAC AGTTATCTGA	660
	ACATCGATAT AGTGCTAAAG CATGGGATAA TCGTTATGGT TGTGTCTTGG CAATTGAAAT	720
	ACTAGAATTA TTAAAAGATA TAGAATTAGA TGTAAGCTTG TATGTTGGCG CAAATGTTCA	780
20	AGAAGAGGTT GGATTACGAG GTGCGAAAGC ATCTGCAGAG ATGATAGACC CAGACGTTGC	840
	ATTTGTAGTT GATTGTTTAC CTGCCAATGA CGTTAAAGGA AACCAACCAT TATCTGGTGA	900
	ACTTGGTAAA GGGACGTTAA TTCGCATAAA AGACGGTACA ATGATTTTAA AGCCTGTATT	960
25	TAGAGACTAT TTATTAAAGT TAGTAGAAGC ACATGACATT GAACATCAAT ACTATATGTC	1020
	ACCAGGTGGA ACAGATGGTG GAGAAATTCA TAAAGCTAAT ATTGGTATTC CGACTGCAGT	1080
	TATTGGTGTA TGTGCACGAT ATATTCATAG TACAGACTCA GTATTTGATA TAAGAGACTA	1140
30	TTTTGCAGCT AGATCTTTAC TTTCAGAAGC CATTGTGAAT TTAGATAATA ATCAAATAGA	1200
	AACATTACAA TATAATAAT CGGGTAATAA CAACTATTAT CTCTAAATAG TTATATATAA	1260
35	TCATTAATTA AGGAGACATA AAAATGAAAC AACTTGAATC AGAACAACAA TTTGAATCTT	1320
	TAAAACAAGG TGCTACAGTA TTTGAATTCA CTGCAGGCTG GTGTCCAGAT TGTAAGTGA	1380
	TAGAACCAGA TTTACCGGAA TTAGAAGCGA GATATCCTAT GTTTGACTTC GTATCAGTAG	1440
40	ACCGTGATAA ATTTATGGAT ATTTGTATTG AAAATGGTAT TATGGGTATT CCAAGTTTTT	1500
	TAGTATATAA AAATGGAGAA CTGCTTGGA GTTATATTGG AAAAGAACGA AAATCAATTG	1560
	AACAGATAGA TGCATTTTTA GCTCAATACG TGTAATTTAG ACTAGAGAAA AACGGGGTAA	1620
45	TACTCGTTTT TCTCTGTTAC TATGTGTTGA TTTATTGTAA ACTATTATAA GGTGCGAAAT	1680
	TAGGAGTGTT ACATATGAAT ACCTTTCAAA TGAGAGATAA ATTAAAGGAA CGTTTAAGCC	1740
50	ATTTAGACGT TGATTTTAAA TTAAATCGTG AAGAAGAAAC TTTGCGTATT TATCGAACAG	1800
	ATAATAACAA AGGTATCACG ATTAACTTA ACGCTATAGT CGCAAAATAT GAAGATAAAA	1860
	AAGAAAAAAT TGTAAGTGA ATTGTTTATT ACGTTGATG	1899

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3774 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 660:

10	GTATAATATC CTTTCAATCT GTTTTCATAT TTTATATATT TTTTAAATAT AAGTGCTAAA	60
	TGTTTTAACT AAAGCATAGA TTGACAAGAT GTTATACAGA ATTTCAAATT CTATCCAATA	120
15	TTGTTCGAAG TGTAATATCA CTGGATTGGT ATTAACAAT GTAAAGGAGA GATTGCAAAT	180
	GCCGTATAAT TACAAGAAAC AAAATGGAGA GTTAATGTCT GTAATGAGCC AAGGTGAAAA	240
	GTTTATTCAT CAATCACCCG TTAATGATGA ACTTAGTGCA TTGATTAAGT TATTAATTC	300
20	TAAAATTAAC GGTGTGCATT ATTGTGTTGA TATCCATAAA AAAGAATTAA AGGAATTGGG	360
	TGTAACACAA ATGAAAATTG ATGAAGTCTT GAGTTTGA CATTAGATT TATTTACTGA	420
	TCAAGAAAAA GTGACGCTTG AATTTGCAGA AATGTTAAAT TCAATCAAAG ACTTTAAGAA	480
25	GTTTGAAATT ATTGACCGGC TAAAATCATT TTATGATGAA GAACAAATTA TTGATCTTGT	540
	CTTTGTTGTA AACCAAATTA ACGGTTGGAA CAGATTAAAT ATTATTAGTG ATAGACTATA	600
	ATTGTTTATA TAAATGCAGA GTTTCATCTC GAACGCTATA TCATAACAAA TCATGCCACT	660
30	ATACAGGTCA AATCTTGAT AGTGGCATT TAATTATCC CTTTGAATAC TGTATTTTAA	720
	CGAATATCGG TCCACCTGGT CCAACAGGGA TACCTAATAG GAACCAAATG ATGACAAATA	780
35	CTGTCCATAC AATACTTAGC GCGATTGAAT ACGGCATTAA ACTAGAAAGT AAGGCTCCGA	840
	GTTTCATGCG TTTATCGTAT TTTTGTGCAT AAGTTAATAA TAAAGGTAAG TACGGCATCA	900
	TCGGTGTAAT TGGATTGGTA ATTGAATCGC CTACACGGTA AATGACTTGT GTGAATGCGG	960
40	GATGAAAGCC GATAAGGATT AACATTGGTA CGAATATCGG TCCTAAAATA CCCCATTTAG	1020
	CCGATGCGCT TCCGATTAAAC ATGTTGACCA TTGCACTCAG TACAATAATA CCTAGTATCA	1080
	ATACAATACC GTTTTGATGT TCTAATAATT TGGCACCTTT AACAGCAGCG ATAATTCCTA	1140
45	AATTACTCCA CTTTAAATAC GCAAGTAGCT GTGCTGCAAA AAACACAATA ACGATAAATG	1200
	TTCCCATTGA TCCTACAGCA TCGCCGAACA TTTTACCTAA GTCTTTTGTA TTTTAAATTT	1260
	CTTTGCTTAA AATCCCATAA ACTAATCCAG GTACTAAAAA TACGACAAGA ATAATTAATC	1320
50	CGACACCGTT AATTAATGGC GCATCGTCTA GTAAGCTGCC TGTTTTAGCA TTTCTTAAAA	1380
	AGCTATGTTT AGGAATGGCT GTAATAATTA ATAAAATAAT TGTGACTATG AACTGATAT	1440

	CATCATGCAT TAAACTGTCA TCATATTTTC CTAATCTAGG AATAATGAGC TTAGTTGTAA	1560
	CTAGCAATAT CGTAGGAAGT AATACAACGA CACTCGCTGC GATAAAGTAC CAGTTCATAG	1620
5	CAACGTTTGT TTTAATAGAA TCTGAAACGA TACGTGTTGC CGGTTCTGTA AATGAATAGA	1680
	CCAAAGCATC TTGCATACCA ACAACTATAT TTGCTGCAAA TCCTCCAACA GCGGAAGCAT	1740
10	ATGCCATCGT TAGTCCAGCG ATAGGGTGAT AGCCAATTTT AATAAAAAGC ATTGCTGCAA	1800
	GCGGCGGCAA GATAATTGTC GCAGCATCGC CGGCTGTACT ACCTAAAATA CCAATTAATA	1860
	TAATAGTCGG TAAAATTAAG AAACGTGGTG CGCGATTAC AACAGAAATC ATTAACCTAT	1920
15	CGAAGTATCC TGTTTTCTCT GCAACACCAA TACCAATCAT CACTGCTAGT ACTAAGCCTA	1980
	ATGCTGGGAA CTCTGAGAAA TTTTAAATCG TATCATTCAT TATCATCGTA AATCCATCAT	2040
	GGCTAATTAT ATTTTAAATA TAAATGGTTT GATGCGTACC TGGATGCTTA ACAGATACAT	2100
20	TAAATAATGA GATAACCCAT GTCATAATGG CTAAGCCAC ACACATTAAA AAGAATAAGA	2160
	CGCTAGGATC TGGCAATTTA TTTCCGATTT TTTCAACACT ATTCAAGAAA CGATTGACGA	2220
	TAGACCCCTT TTGTTGATGT TTTGATGTCA TCAATTATTC CCCCCTTTGT TAAATATTTA	2280
25	AAGTGTAACA AAAAATACTC TCAAAAGTAA CAATTTTCAG GAAATAAAAA AACTAATATT	2340
	GTTAAATATT TTGAGTTATT CAATAGAAAG TGTATAGCAG AGTAGTTAAG ACTGCCTGAA	2400
	GACTTATCTA TTAGGTTTAT GAAGCATCGA ACAGTGGAAG ATAAGGACTG TAAGTTTAAG	2460
30	ATATGTTGTA TAGGAGTGAC TGAATGAAAC GTTTGGAAAA TAAAGTAGCA GTCGTAACAG	2520
	GAGCAAGTAC AGGTATCGGT CAAGCTTCTG CAATCGCTTT AGCTCAATAA GGTGCGTATG	2580
35	TATTGGCGGT AGACATAGCT GAAGCGGTAT CGGAGACTGT CGATAAAATT AAAAGTAATG	2640
	GTGACAATGC GAAGGCGTAT AATGTGGATA ATGCAAGCGA ACAACAAGTG GTAGACTTTG	2700
	TGTCTGACAT AAAGGAACAG TTTGGAAGAA TCGATGTGTT GTTTAATAAT GCCGGTGTGG	2760
40	ATAATGCGGC TGATAGAATT CATGAGTATC CAATAGATGT GTATGACAAG ATTATGAATG	2820
	TAGATATGCG TGGGACATTT TTAATGACGA AAATGATGTT ACCTTTAATG ATGAATCAAG	2880
	GTGGCTCTAT TGTTAATACG TCTTCATTTT CCGGACAAGC AGCAGACTTG TATCGCTCTG	2940
45	GATATAATGC TGCGAAAGGT GCAGTGATTA ATTTTACAAA ATCAATCGCA ATTGAGTATG	3000
	GCCGTGATAG CATTCGAGCC AATGCGATTG CACCAGGTAC AATTGAAACC CCGTTAGTAG	3060
50	ATAAACTGAC AGGTACGAGT GAGGATGATG CAGGTAAAAC ATTTAGAGAA AATCAAAAAT	3120
	GGATGACTCC GCTGGGACGT TTAGGTAAAC CAGAAGAAGT TGCTAAATTA GTAGTCTTCT	3180
	TAGCATCTGA CGACAGTTCA TTCATACTG GAGAGACGAT TCGAATTGAT GGTGGTGTGA	3240

55

AATTATTAA AATCGATATC CAGTGGAAAA GAATTTGGCA TGAAGTAGGC AATGTATGCA 3360  
 TATTGTCGCA ATGAAAGACA TTAAAGCGG AGATTAATTA ATCTTTGAAA ATCACATATT 3420  
 5 GTTCATTGA AGTGTATTGC TTAAAGCTTG TTTAACGTA TTGTAGGTCG TGCATCTAAT 3480  
 TTATCAGAAT CTCGAGTTCA AACTTTTGGA GTATCTTTAA AATAAGCTGT ATTTTGTCTA 3540  
 10 TTCTAATAAA TTAAGGAGAA TTTTATGTTA AAAGAAAAAG AAAGTTTTAG ATTGCTATAT 3600  
 CAAGCTATAA GAGAGATTGC AGATAAAATT GGAGATAATC AGTTAGAAAC TAATCCGTT 3660  
 AGTTTATtAT tATTGGACTT TGATTTTGAA CATGAAGTAT TTGATGAATT GTATCTTGTG 3720  
 15 ATTTtAAAAT ATTTAAATAC AGTAAGTATA GAGAACATAA GTCATAGTGA GCTT 3774

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 661:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1078 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 661:

TACTGGTTTT GGATTTTGGA GGTAATACAG TACCTAATAG TAATnATGGT GTCGTCAnAA 60  
 TTATATCTTT CCGTGATGTT CTTACTCATT AGAACATCnG CCTTCAGAGG AATCATGATA 120  
 30 CGAGGAATAA GAAATTTAAA TGTGAGCGAA GTCAATATAG TATTTGCGAT TATTTTTATT 180  
 AACTCCATTA TTATTGTTAG TTTGATTTTT CGAGGATAAC TTCAATTTTT GCATTTTGAG 240  
 35 GTTTTTTAAC ATATCTATTT GCATCAGTTG ATGGCAACCT TTTACTTAAA TCTATTGTGT 300  
 AGTTATTGTC TGCACCTGTT ATTTTAATTT GTCCTTTATT ATAAGAATTA TTATATAATT 360  
 TTTTACTTTT AATTAATGTT TGACGAATAC GAAAATCTAA TTCTTTTAAA GTTAAACAG 420  
 40 GCTTATTGCC TTCATAAACT GGAAATCCGC CAGTAAACGT TTCTGCTTTA TCTTTATATG 480  
 TTACATTGAG TTTATAGTGT TTATCGTTAG ATGTTGCTGC AGGAGTAACA CCACCAGTAA 540  
 ACGTTTCTTG AGATAATGCA AAAGaATCAA TGGTTTCTTG GTCTTTTATG CyAAAAATAT 600  
 45 CAACGCTTTT ATTTCTTAAT TGGTTGATAT TGCCCCAACT TTCAGGTCCA TAAACTTGAA 660  
 TATGACTATA CCAAGaAAAC TGTAACAACG TTGCATGAAT CgTACCGTTA TCTTTTTGCC 720  
 ATAACGTACT GTTAGAGAAG GTTAAATATT TTTGCGAGTA ATATTTAGTT AACTCATTA 780  
 50 CGTTAGTTTC GTTTTGATTT ATATAAtAAG cTTTCGCTTC AGATGAAGAA TTGATAkGTG 840  
 TATTAGGAAA TTGTGTAGAT GCTGTACCTA ATAGTAACAA TGTTGTTGAT AAAATAATTT 900

ATAAAAAGGG GTTAATTAGA TAATTGAAAT TATCCGCATT TACAAAAGGT AATAGGTTAG 1020  
 TTAGATTTTT CGAGTATGAC TcAATTTCTG CATTACGAGG ATTTTAAACA TAACGGTT 1078

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 662:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1398 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 662:

AACTTGCTTT TTAGTATCTA CGTTAATATT AATAGCTTTA ATTCACTTG TATTAATTAA 60  
 ATCAGCTGTG TAAATACCTG CTTTCAAATC GATAACTTTC TTGTTCCAT TTTTAAAGTA 120  
 AACAGTATAT TTCGCTTGCT TCGATAGTCT TAAATCTATA TCACTAATAC CTCTGTCTGA 180  
 TTTTAAACT GATTTAACTC TATCCTCTAA ATCTTTATAA CTAATATTTT GATTCTTATT 240  
 AAATGTTAAG CTGATAAAA TATTTTGGCT TGTACCGTTC ACAGTGaTTG CATATGGAAC 300  
 ATGGACTTTA GAATATCCAT GGTGTAACGA ACTTGATGAT TTATCTAATG GCTTAGCTGC 360  
 GGCAGACGCT TCATTATTAT TAAAGTTTGC ACCTGTTGAT GCTAAAACAC CTAATGCTAA 420  
 AGTTGTTGTA ATCAATGACT TAAATTTTCAT AAATTATCTC TCCTTTTTTG TGTAATTCGT 480  
 ATTTGCAACT TAATTATAGC CAGACTTTCT CTATTTTTTG AATTAAGTGA ATATTAATAA 540  
 TAAATTATCT TTAACAATAA TTTTTTAAACA CTGTTAAAAG TTCTTTTAAT TTGATTAAC 600  
 TAATTAATTT ACAATACCTA AAATGTTGTT TGGTTTTGTT TATACCAAGC TTCAAACCTA 660  
 AATGTCATAA CAACATTCAT TTCTTAATTC CTATTAGATT TGTCGATTAT ATTTACAGCA 720  
 TCTTTATACT CAAAAAACAT TTAAGTAAAA ATATAAATTC GATTTAATAA TTAATTTAAA 780  
 TTTAGTTAAT CAATTTTGCA TCTATTTTGT TGTAAGCTAT ATAAAAGGAG TGATAATGAT 840  
 GGTGAAAAAA ACAAAATCCA ATTCACTAAA AAAAGTTGCA ACACTTGCAAT TAGCAAATTT 900  
 ATTATTAGTT GGTGCACTTA CTGaCAATAG TGCCAAAGCC GAATCTAAGA AAGATGATAC 960  
 TGATTTGAAG TTAGTTAGTC ATAACGTTTA TATGTTATCG ACCGTTTTGT ATCCAACTG 1020  
 GGGGCAATAT AAACGCGCTG ATTTAATCGG ACAATCTTCT TATATTAAAA ATAATGATGT 1080  
 CGTAATATTC AATGAAGCAT TTGATAATGG TGCATCAGAC AAATTATTAA GTAATGTGAA 1140  
 AAAAGAATAT CCTTATCAAA CACCTGTACT CGGCCGTTCT CAATCAGGGT GGGACAAAAC 1200  
 TGAAGGTAGC TACTCATCAA CTGTTGCAGA AGATGGTGGC GTAGCGATTG TAAGTAAATA 1260

CAACAAAGGC TTTGTTTATA CAAAATAGA GAAAAATGGT AAGAACGTTT ACGTTATCGG 1380  
TACACATACA CAATCTGA 1398

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 663:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1200 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 663:

TTGTAATTGG AACGTACGAA CTTTTCTAGG TAAGAAACGT CGAATCTCGT CCTCATTATA 60  
ACCAACTTGT AGTCGTTTAT TATCTAAAT AATTGGACGA CGTAATAAGC CAGGATTATC 120  
TTGAATGATT GAATATAAGT CTTGTAATGG TAGTGAATCA ATATCAACAT TTAATTTTTG 180  
GTATGTTTTA GAACGTGTAG AAATGATTTT ATCAGTACCG TCTTCAGTCA TTTTAAATAT 240  
TTGCTTAATT TCATCAATTG TTAAATGTTT AGAAAAATA TTACGCTCCG TATACGGAAT 300  
GTCCATGTTT CTGKTAACCA TGCTTTTCGCT TTTACGGCAA GATGTGcAaC TTGGtGaAGT 360  
aAATAATGtT ACCATACATC TCACTCTCCT ATTTGAATGA ATAAAATTCA TTGCTTAAAA 420  
TTTAGTTATA GATCAAGAAA AAACATTTTT TTCTAAAATT CTTAATCGTT ACTATTTATT 480  
ATAACTATCT AACATTAAAA TTAAATGAGA AAAACCTAAT TTTTCAGATA AGTTTCTACA 540  
CTTATAAAAA AGATTATTAA TCCCTTTGTT AGTAGTAAGT TATACGTATA TTCTAACACA 600  
TCTTACATTT TTAAGAAATA CTGTTATAAT GATAATTATT AAAATATTAC TAAGAAAGTA 660  
GGCATTTAAA TGGAGACATT ATTTTCAGGC ATCCAACCTA GTGGAATTCC TACTATTGGA 720  
AATTATATTG GCGCACTAAA ACAATTTGTT GATGTGCAAA ATGACTATGA TTGTTATTTT 780  
TGTATCGTAG ATCAACATGC AATTACAATG CCACAAGATC GTTTAAAATT ACGTAAACAG 840  
ACCAGACAAT TAGCAGCGAT TTATTTAGCT TCTGGTATAG ATCCAGACAA AGCAACATTG 900  
TTCATACAAT CTGAAGTCCc TGCACACGTA CAAGCAGGAT GGATGTTAAC TACGATTGCT 960  
TCTGTTGGAG AATTAGAGCG TATGACGCAA TACAAAGATA AAGCTCAGAA AGCAGTTGAA 1020  
GGTATACCTG CTGGTCTATT AACATATCCA CCTTTAATGG CAGCTGATAT TGTTCCTTAC 1080  
AATACTAATA TCGTTCCAGT TGGAGATGAC CAAAAGCAGC ATATCGAATT GACTCGTAAC 1140  
CTGTAGATA GATTTAATAG TCGCTATAAT GATGTGCTTG TGAACCTGAA ATTCGTATGC 1200

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 664:

(A) LENGTH: 787 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 664:

10	TGTACCTTTT GCTTTAATAA ATACTGTTTC TTTATCATAA TTAGGTTTCAG TTAAGAAATT	60
	AAATTGTAAG CTTTGAGTAA TATTTTTTTG ACTATCACTT GTTGTAGCTG TACGTGTATA	120
	CATTTTAGTA TCACCATCAA GATTCTTCTC AGAAACTTGT TTGATTTTCAG AATTAATCTT	180
15	TGCAAATGAA GTAGCTGGTA ATACAGTGAA AGTAGTCGAT AGTGCTAAsG wACAAATTGT	240
	GATATTTTTA CATAGTTGTT TAATCATTAG TAATCCGCCC TTTCAATATT ATCCTTCTTT	300
	ATAAGGTTTA TTGTCATCAG AATATTTATC AACGACTTTA ACTGTTTAT TTTTCCAATC	360
20	AAC TTCATAA GTGACAATTA ATCTTTGACC ATCTTTATTT TtcTCTAAAA TTGGAGGTGC	420
	ATAATGTATy CCAGGTCTGT TTTTCAAAAT ATCTTGATTT CGTGTGTATG TTA CTTCAAA	480
25	TTGCGTTTTT TCATTGACT TTTCATTAGA TAAATAAGTT AAAAATTCTG GATTAAAGCC	540
	ACTTCTTACT AATGCTGGGT ATCTATATTT TGAAGCAAAG CTTAGTTCaG GGTTTTCTAC	600
	AGTAGCAATT CTCGTATTTC TATAGAATAA TAATTCATCA TTTCTATTTT TCACTTCTCC	660
30	ACCATACTTC AAGTCATTCG CAATAACTGA CCAGTG TACA TGgCCAGTTh ATTTATTTTT	720
	ACCGCTGGCA ATTGTGTCAT AATTTGCTGC ATCATCAACT AATCGTTTTG GAAGTAGCTA	780
	TTTGCTG	787

35

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 665:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 533 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 665:

45

	TTATCTGTCA TTAACCACTG GTACATGTGA ACCCGGChTh AATCAATATA TATATTTAAA	60
	AGCAAAGGCG CGCCATGTGC CTTTtTThTA tTTTGTATAT CTGTATCAAA ATCGATTGTA	120
50	TTAAAATCCG CTTTATTTTA TCATCTATTC AAATGATTTT AGTGCGCTTA TTTTACTATG	180
	GCATTATTGC CTAACCTGTT TGAGATATAT TAATATTTGA TGATTCTGAT TCAAAGTTTT	240
55	CATTTAACAT GTATTTAGTA TCATGATAGC TGCTTCATTG ATGATATACT ACCTACTTTT	300

CAGAGGCAAT ATTGAACAAT TCTTCATCAT GACTATTTTC CATCACATAA CTATGCTTAG 420  
 CGAACGCTAA CATATCTTTA TCATTATTCG CATCTCCGAA GGCCATGAGC TCTGAAGGAG 480  
 5 ACATTTCCCA TTTATCTAAC AATCGTTTTA ATGCCTGnCC TTTAGTCATG TTT 533

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 666:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 666:

GACTTCTCTT GCACTAAAAA TTGCTCAAAT TGCTCGCTGT CATAACCAGG CGGTGTTTCC 60  
 20 AACCATACAT ATATGCCACC TTTAGCATGA ACAAATGGCA AATCAGCTTT TGCAAGCATG 120  
 GCTTCGAATC GGTCACGACG TGTTTTAAAT ACATTGCTTT GTTCTTCTAA AAAATCATCA 180  
 25 TAATGGATTG AAAGCATATA TTGCGGTCAT CTTGTAAATG CACCAAACAT CCCAGCATTT 240  
 GTGTGCGTTT GGTACTTTTT CAAAGCTTGA AATCATATCT TTATTACCAA CTGCCAAAAC 300  
 CGACTCTGAA AACCTGGACA TGTTGATGAA CCTTTnAGAC AAGGGAAGAA ATTTGCAATC 360  
 30 GCAACATCTT TGCCCATTTT nCCGAAGCAA GTGnGACTAG 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 667:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 412 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 667:

TCTCCAATGC TACTCAAATT AAAAAGGTTT TAAATATTGT TAATTCTGAT CCAGAGCGAA 60  
 45 AGATTGTTAT CGTTTCTGCT CCAGGTAAAA GACATGATAA TGATATTAAA ACAACTGATT 120  
 TGTTAATCAG ATTATATGAA AAGGTCATTA ATCATCTTGA TTATCATGAT AAAAAAAGAG 180  
 AAATTATTCA GCGTTATGAT GATATTGTAA AAGAATTGCA AATGGATGAA AGTATTTTAC 240  
 50 GGACGATAGA TGTGACTTTG GAACATTATA TAAATCAATT AAAAAATGAA CCAAAGAGAC 300  
 TATTAGATGC ATTACTTTCT TGTGGTGAAG ATTTTAATGC GCaAytGAtA GCyTTATATA 360  
 ATAAtAGTCa gGTtACCAAC AAmATwTATA TCCcCGAAGG AAGCGGGTAT TT 412  
 55

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 668:

TTACTCGTTA AAGATATTGT AAAAGATGAA GTGACAGAAT ATGACATTCA TCAAATGTTA	60
CCGCATCCGA TTAATATGGT AAGGGTTAGA CTTTTTGGTG TGAAATTAAA AGAGATTATA	120
GCTAAAAGTA ATAAACAAGA nTATATGTAT GAACATGCAC AAGGTTTGGG TTTCAGAGGG	180
AATATATTTG GAGGATATAT TCTTTATAAT TTAGGGTACA TTCATTCTAC AGGGCGTTAC	240
TATCTGAATG GAGAAGAAAT CGAGGACGAC AAGGAATATG TACTAGGTAC GATAGATATG	300
TATACGTTTCG GTCnTATTnC CCAACATTGA AGGATTACCA AAGAGTATTT AATGCCAGAG	360
TTTTTCAGAG GTATATTTAA nGAAAATTAT TGGCTATTTA	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 669:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1236 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 669:

TGTTTCGATAT TTTTAAATTT ATCTTTTAAA TACAACAAC TTTCCGTAA TGATTTAACT	60
GTTTTATGAC TAATGCCATT GAATATTTCT AGCGTTTTAT TTAACCTATC GATAATCGCA	120
TGTAAATCCT TCAAAATGTC TTTTGTTTCA AAAGTAAATA CATTATGGAA GCGATGAATA	180
TCATCATCAT AAACATCAGA ATCATTGATA ATCGTAAATA TCGTTGAGAA CAATTGCTCA	240
TTTAACTCAT GAATCTCATT CATACTAGCC TTCAAGCCAA AAATATCAAT TGGTGCAATA	300
TCTAATTTTT CCAAAATTCG CTGCTTTTCC AGTTGATCAA TTGCCTTTAA CAATTTTTCA	360
TTTTCGTTTT TACCAATCAA ACCAAGCTGA TATTTAATAT CAGCATAACT CAATCATTTT	420
GTCACCTGAT TTAAGGCATA GTCTGGTAAG CGATGTGCTT CATCCACTAT ACAATCATCA	480
AACAATTGAT ATATTGAATT TTCAACATCA GAATGaATTA AATGTGCATG ATTTGTAATA	540
CCAATTTGaA TGTCTGTGC ATTTGCTTA ATAAATTAT aATAATGAAC ATCGTGACGT	600
GCCGGTACAT ATGTTTCAAT TTTCTGGTcA AAATACATCT TTTGACCACC TTTTAAATTT	660

ATATTCACtT CGTAATTACT TGTGTCATCT TTTAAAATTT GACTAATAAG CCCCAATGAA 780  
 ATGTAATCaC TTtTACTTTT AATCAATAGT GCATTAATTT TAAAATTCAA CGCTTCATTc 840  
 5 ATTGCTGGAA TATCTTTTTT TAACAATTGA CTTTGCAGTA ATTTAGTATT GGTAGAAATC 900  
 ATGACATGCT TCCCAGTTTC AATATTATAC ATCAAGGCCG CAAGTAAATA TGCTAATGAT 960  
 10 TTACCACTGC CTAGTGATGC TTCAATCATT GCTTTTTTCAC TATGCATGAG CTGATCTAAT 1020  
 ATAGTTTCCG CTAAATATAA TTGTTGCGGT CGATATGTTA AGCCAAGTTG ATCTACAGCT 1080  
 TTGCTATATA AAGACTTCAA GCTGCCATTA TAATTTGTTG TCGGCTTTTT AAAATCAACT 1140  
 15 TGCTTACGAT AGATAATCTG TTCGAACTTT TCGTACGATT TATCCAATGG CTTTGCATCA 1200  
 TATTGCCTAA CCATCTCAAA GAAAATATCA TACAAA 1236

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 670:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1819 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 670:

30 ACAsAATTAT TGACCAATAT GACTCGTGGA CTGATATGTT TAAAGCACTA CTGCATGAAA 60  
 CATTTAAAGC ATATGGCGTT CTATTTATAG ATGCGCAGTT TGAGCCGTTA AGAAAAATGG 120  
 AAGCGCTAT GTTTAAAAAG ATTTTGAAAA AACATCAGTT GCTTGATGAT GCTTTTAGAG 180  
 35 CAACACAACA ACGTACTCAA AATCAAGGCT TGAATGCGAT GATACAAACA GATACAAATG 240  
 TTCATTTATT CTTACATGAT GAAAATATGC GTCAATTAGT tTCGTATGAT GGTAAGCAyT 300  
 TTAmATTAAA TAAAACAGAT AAGACATATA TAAAGGAAGA AATTATAAAT ATTGCGGAAA 360  
 40 ATCAACCKGA ATTATTTTCT aATAATGTAG TGACAAGACC ATTAATGGnA GAATGGTTAT 420  
 TTGAACACGG TGGCATTGTG TGGAGGACCG AGTGAAATTA AGTaCTGGGC TGAACATAAA 480  
 45 GATGTATTTG AACTATTTGA TGTTGAAATG CcTATCGTGA TGCCAAGGCT TAGAATTACT 540  
 TATTTAAATG ACCGTATAGA AAAATTACTT TCGAAATACA ATATTCCATT AGAAAAAGTG 600  
 TTAGTCGATG GTGTTGAAGG AGAAAGAAGT AAGTTTATTA GAGAACAAGC ATCACATCAA 660  
 50 TTTATTGAAA AGGTAGAAGG TATGATTGAA CAACAGCGTC GTCTAAACAA AGACTTATTA 720  
 GATGAAGTGG CGGGGAATCA AAATAATATT AACCTTGTGA ATAAAAATAA TGAAATTCAT 780  
 ATACAACAGT ATGATTATTT GTTAAACGT TATCTTTTAA ACATTGAAAG AGrAAACGAC 840

5 GAAAGAATAT GGAATCCACT TCAAATTTTG AATGATTTTG GGACAGATGT GTTCAAGCCC 960  
 TCCACCTATC CACCACTTTC TTACACTTTT GATCATATTA TTATAAAACC TTAATATACC 1020  
 AAGGGTTTATG CCCGATTTAT CTTAATGATA AATCGGGCAT TTTTTTGTTT TTTAAAATAA 1080  
 ATTTACACAA TTTTGTATAA ATAGTGGTGG ATAGTGGGGA GATGTGGTAA ATTATATATA 1140  
 10 AGGTGAGGTG ATAAAAATG TTCATGGGAG aATACGATCA TCAATTAGAT ACAAAGGAC 1200  
 GTATGATTAT ACCGTCCAAG TTTCGTTATG ACTTAAATGA GCGTTTTATT ATCACAAGAG 1260  
 GCCTTGATAA ATGTTTTATTC GGTTACACTC TAGACGAATG GCAACAGATT GAAGAGAAAA 1320  
 15 TGAAAACCTT ACCTATGACA AAAAAAGACG CACGTAAGTT TATGCGTATG TTCTTCTCTG 1380  
 GTGCTGTTGA AGTAGAACTT GATAAGCAAG GCGGTATTAA CATCCCTCAA AACTTGAGGA 1440  
 AATACGCTAA TTTAACTAAA GAATGTACAG TAATCGGTGT TTCAAATCGT ATTGAGATTT 1500  
 20 GGGATAGAGA AACTTGGAAT GATTTCTATG AAGAATCTGA AGAAAGTTTC GAAGATATTG 1560  
 CTGAAGATTT AATAGATTTT GATTTTTTAAA ATGGAGGAAT TGAAGtGTTT CATCATATCA 1620  
 25 GCGTTATGTT AAACGAAACC ATTGATTATT TAAATGTAAA AGAAAATGGT GTGTACATTG 1680  
 ACTGTACGCT AGGTGGAGCG GGACAnGCCC TTTATTTACT AAATCAATTA AATGACGACG 1740  
 GAAGATTAAT AGCAATCGAT CAAGACCAAA CTGCAATTGA TAATGCTAAA nGGGTATTAA 1800  
 30 AGGATCATTT GCATAAAng 1819

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 671:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 609 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 671:

40 ACCAATTATT GGACAGGAAT TAGCAAAAAA TGCAATGCTT GCATTAATCT ATGCATCGAT 60  
 45 AGGTATCATC ATCTATGTAT CATTACGATT TGAATGGCGC ATGGGTCTTT CATCTGTATT 120  
 GGCATTATTA CATGATGTAT TCATTATAGT AGCGATTTTC AGTTTATTTA GAATTGAAGT 180  
 AGATTTAACA TTTATCGCCG CTGTATTAAAC AATTGTCGGT TATTCAATTA ATGATACAAT 240  
 50 CGTAACGTTT GACCGTGTAC GTGAAAACCTT ACAAAGGTT AAAGTGATTA CGACAACAGA 300  
 ACAAATTGAT GATATCGTTA ATAGATCAAT tAGACAGACA ATGACACGTT CAATTAATAC 360  
 55 AGTATTAACA GTTATTGTAG TAGTAGTGC TATACTATTC TTCGGTGCTC CTACGATATT 420

TGCCGTTCCG CTATGGGGAA TAATGAAAAA ACGTCAGTTG AAAAAATCGC CGAAACACAA 540  
 ATTAGTTGTA TATAAAgAAA AGAAATCGAA CGATGAAAAG ATTTTAGTTT AAAAtGaATT 600  
 5 AAGCGGTAT 609

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 672:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 672:

CTTAAACAG CAATTTGAAC GTTTACAAAA TGAACAAATC TTTGTTTATG TTTGTCATGG 60  
 20 TAATCACGAT CCTTTATCAT CAAAGATTTT ATCAAACCTGG CCAGATAATG TtnTTGTATT 120  
 TTCAAATAAA GTTGAGACGT ATGAAGCAAT TACTAAATCT GGTGAAACAA TTTATATTCA 180  
 CGGATTTAGT TATGAAAATA GAGCAAGTTA TGAGAACAAG ATTGATGAAT ATCCATCAAG 240  
 25 TCAAGGCCAA AAAGGCATAC ATATTGGTGT CTTGCATGGT ACGTATAGTA AATCTTCAGT 300  
 TAACGAAAGA TATACCGAGT TCATTTTAGA AGATTTAAAC AGTAAATTGT ATCATTATTG 360  
 GGCTTTAGGT CATATACATG AACGTCAACA ATTAAGTGAT ATGCCTGTAA TTAACATTTC 420  
 30 AGGTAATATT CAAGGTAGAC ATTTTAATGA GCAaGGTGAA aAAGGTGCT TATTAATCGm 480  
 GGGTGACCAC TTAATAATTAA AGACTAAATT TTATCCTACA CAGTATATTA GATTTGAAGA 540  
 35 AGCAACTATT GAAACGGATA AGACATCTAA GCAAGGTTTA TACGAGGTCA TTCAAAACTT 600  
 TAAAGAACAA GTGAGAGAAG AAGGAAAAGC CTTTTATCGT TTAACGCTTG TTATTAATAG 660  
 TGAGACATTA ATTTACCTC AAGATTTATT ACAAGTTGAA GAAATGATTA CAGATTATGA 720  
 40 AGAAAACGAA AATCAATTTG TATATATTGA TGAGTTAAAA ATACAATATG CACAAAATGA 780  
 TGAGTCACCT TTAGTTAATG AATTTTCAGC GGAATTATTA GTCGATCAAA CTGTTTTTGA 840  
 TAAAGCGATG TCAGATTTAT ATTTAAATCC AAGGGCATCT AAGTTCCTAG ACGATTATGG 900  
 45 AACATTCGAC CATACAGCAT TAGTTAATCG TGCTGAAGAA ATATTAAAAG CTGAAATGAG 960  
 AGGTGAACAA AATGATAATT AAATCACTTG AAATTTATGG TTACGGTCAA TTTGTTCaC 1020  
 50 GTAAAATTGa ATTTAATAAA AACyTCaCTG AAA1TTTTGG TGAAAATGAA GCGGGTAAAT 1080  
 CGACGATTCA AGCATtCATC CATTCGATAT TATTTGGATT TCCAATAAA AAGTCTAAAG 1140  
 AGCCAAGACT AGAACCACGT CTAGGTAACC AATACGGTGG TAAATTAGTA CTTATTCTTG 1200

	TATATTTACC TAATGGTGCT GTGCGTGATG ATGCTTGGTT ACAAAGAAA CTTAATTATA	1320
	TTTCTAAAAA GACATATCAA GGTATCTTTT CATTTGATGT ACTAGGGCTT CAAGACATTC	1380
5	ATAGAAATCT AAATGAAAAA CAATTGCAAG ATTATTTATT ACAAGCmGGG GCTTTAGGAT	1440
	CAACTGAaTT CACGTCAATG CGCGAAGTGA TTAATCGTAA AAaAGATGAA TTATATAAAA	1500
10	aATCAGGTAA AAATCCGATC ATTAATCAAC AAATTGAGCA ATTAAAACAA CTAGAAAGTC	1560
	AAATTCGTGA AGAAGAAGCA AAGCTAGAAA CATATCATCG CTTAGTAGAT GATCGAGATA	1620
	AATCATCACG TCGATTAGAG AATTTAAAGC ATAATTTAAA TCAATTATCA AAAATGCATG	1680
15	AAGAAAAACA AAAAGAGGTT GCTTTACATG ATCATTACA AGAATGGAAG TCTCTAGAAC	1740
	AACAGTTAAA TATTGAGCCA ATCACATTCC CAGAAAAAGG TGTGGATCGT TACGAAAAAG	1800
	CACGAGCGCA TAAGCAATCG TTAGWAAGAG ATATTGGTTT AAGAAATGAG CGTTTAGCTC	1860
20	AACTTAAAGA AGAAGCGACT CAATTAGAGC CAGTTAAACA ATCTGATATT GACGCCTTCA	1920
	TTAGTTTGAA TCAACAAGAA AATGAAATTA AAAATAAAGA ATTTGAACTT ACTGCAATCG	1980
	AAAAGGATAT TGCGAATAAA CAACGTGATA AAGATGAATT GCAATCAAAT ATTGGTTGGT	2040
25	CTGAAACGCA TCATGACGTA GATAGTTCAG AGGCAATGAA AAGTTATGTC AGTGAGCAAA	2100
	TCAAGAATAA ACAAGAACAA GCTGCATACA TTAAACAATT AGAACGTAGT TTAGAAGAAA	2160
30	ATAAAATCGA AGATAATGCG GTTCATAGCG AACTAGATTC TGTTGAAGAA AAATAGTTCC	2220
	TG	2222

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 673:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 406 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear
- 40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 673:

45	TTGCAGGTAT CATTTTTTTA ATGCCATATG GATTATGTTT TCTACCGTTT TATAAGCAAA	60
	AAAAGAAAAA ACAGACATTT AAAAAATACA TGGTTTACAC TACGATTGGT TTGTCAATTT	120
	GTCTAGGCTT ATCTCTAGTT TTGGTTCACA CTACGAAAAT TTATATGGAC GAAGGTGGCG	180
50	TAAGATACTA TTACGGTAGT TTTGTAATGA AACAAGCGGG CGGTTATGCT TATTTAGCTT	240
	TAGCGGTACT TTCAACGTTG TTAATTGTTG CGAAAAAGC TACAAATAAA AATAAAGAAA	300
55	TCGAAACCGT CGACAATACA AATATAACGG AAAGATAATT AAGGGAGTGC TCATTCAGGA	360

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 674:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 927 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 674:

CCACTTTGTG GATTTTCTTT ATATTCTCCA CGCTTGtACT ACAACTTCTT TCGTTTCTGT 60  
 TTCATCACCG ACTGCCGCAT TCGTTAGCAC ATGTAATAAC TCTTTTGCGG TTAATACATT 120  
 CTCATCTATA ATCTTATCTT TTTGTTCTTG TATATATTGC TTGATGTGCG GCTTTTTTCAA 180  
 TAACCTACAC GCTGTCACAT GTGCGCTATT TGCGTTATAT CCTGyTTTTA TGGCACTTTG 240  
 TGTTACATTC AGTGTCTCTAA TATACTCATT CACAAAACGT GCTTGCTTTG CAGTTAACTC 300  
 ACTCATTTTA TCACCCCCAC AATTTTATCT AATATGGTTT CATACCATAA TATTACAGAT 360  
 TGTTCTGAAC AATCTAAGGC ACTACTAATA TCTTGATAAC TAAGTCCTTG TATAAGGGAG 420  
 TCAAAAATAT AAAACTCTTT ATCGGTCGCT AATCTGTCAA CAATCATTTT TATGTGATTC 480  
 TTTATAATAT GATCATTGAC ATTATCGTCT GTCATCAATT CGTCAGAATC TTCATCACCT 540  
 ATTAAAAAGA AATCATCAGT ATTTATTTCA TCATCGCCCC GTTAACTAGC TTTGAAGTCT 600  
 TTAGCACACT TGCATATACC GGCTGTCGTG CTGGCKAGAT ACTAGCATTG AAGTGGTCTG 660  
 ATATTGATTT TGAAAACAAC ACGATTAGTA TTAATAAAAC ATATTACAAT CCAAATAATA 720  
 ACAAGAAGAA ATATCAGATA CTTCCCCCTA AACTGAAAG TTCTATCGGT AAGATTTCCG 780  
 TTGACCCAAA TGTAATAAAG GtGtTGCgtG ATTATAAGAT AAACGTTCAA AATAATTGGA 840  
 AAAACGAATT ATATAATGAT AACCATTGTA ATGAAAAAAC TATCAATGTG GATACAAACC 900  
 ATTATGTCAC GTACCAGCAT ACTCAA 927

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 675:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1100 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 675:

GATGTTAAaA TAAGTACATC ATTTTGACTC CCAAATATTG GCTTTAGACC TTGAAATGCT 60

CTCATAATGG CATCAGGTAC cAGGGGTTGG GaccAGGTGT TAATAACAAC GGTTGATGAT 180  
 AATACATTTA TATGCCTCCT ATAAATAAGA TTTCATTATT TTAGCAAATT TTCTGAAAAT 240  
 5 TTAAGAGCCT AAAAAgtGAT AACGCTATAT TGTCGAACAA ACGTTATCAC TTAACGATTT 300  
 TATTTGGCCT GAATGATGGG ATAGATTTTT ATGTCCACAT TATTTCTTAC AGCATTTGAA 360  
 ATCATGCAAT TATTATCTGC AATTGTTATC AATTTTGGA ATCGCTTTTC TAATTGTGCT 420  
 10 ATTTGATCAC TTGGAATTTG AATTGAGGA TGGTGACAA TTTTGACAT ACTGAATTTT 480  
 CCGTTATTTA AACAACTGT TCCAATCGAT TGTTGTkCAA TTGAAATATC TGTGAACTTT 540  
 GCACGTTCAA GAGTAGCTGC TAATGAGATG ATATAACATG ATGAAGCGGC TGATACTAAC 600  
 15 ATTTTCATCGG GATTTGTTCC TATACCAACA CCACCTAAAG AAGCAGGTAT AGAAATATTC 660  
 TCTGAAAGTA TGTCGCCTTG AACGTTTCCG ACATTGTTAC GACCACCTTG CCAAGAAGTT 720  
 20 TGGACTTTAA AGTCATGTTG ATGCAATTGC TTTAACCTCC AATATAATTG TGATAGTTTA 780  
 ATTTTAGAAT AGTTTATCAA AGTTTAACAG AAAGGTGACT TATCAATGAC TCTGAATAAA 840  
 CTGAAAGATG AATTACAAAT TGTTTCGCAC CGTGATTGC CGAGTGATTT TCCTGAAAAT 900  
 25 ACAATGGTCG GTTATCGAGA GGTAAATGGGG CTCAATGTTG CTATGTTAGA AATAGATGTT 960  
 CATTTGACCA AAGACCAACA TTTGTTGTG ATACATGaTG AAACAATTGa TAGAACATCG 1020  
 GaTGGTArGG GGCATAWTGc TGATTACACA TTATCGCAAT TAAAATCATT TGATTTTGGT 1080  
 30 AGTTATAAAG ATGTTGCTTT 1100

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 676:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 460 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 676:

ATTAATTTCA TATGGAAATA GTTGAACATA CTGCGCTGTA TAAGCTTCAA CAGTTTGATG 60  
 45 AATTAACGAT TGATCTTCAA TATATCCGTA GAACAAATCT TCAGTACAAA CTACTTTACC 120  
 TTTATCAGGT TTAATTGCAC CTGCCAACAA TTGACCTACC AACGCTTTGG AAGATTCAGG 180  
 50 TTCACCAATT ATACCTAATG CTTCTCCTTG ATAAATATGT AAACCTAATAT TGTTTAAATC 240  
 GATATCTTCA GCATCATATC CAAAAGGTAA ATACCATTTC TTATTCTGTT TATTCCTATA 300  
 GTAGTGTGTT ACTTTTAGTA ACTTTAAAC AATTGAACTT CCCATCTATT TTCATCCTTC 360

55

CCCCACGCaA AAATACCTTT TAATCTTnCT ACTTTAAAAT

460

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 677:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1451 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 677:

15	GTCAAGTTTT CGGCTAGATT TTAAACGCTC ATCACTATGT AGAATGAAAC TTTCGAAAAA	60
	CTGTAAATCA TCATAACCTT TTACATAAAC ATAACCTTCG CCACCAATTG CTTGAATTAA	120
	ACATTGGGCG GCCATTGAA TTTCTAAAGA TTGTTTCTCT AGCCTATTAA AGATACCTAT	180
20	TAGTTGTGTG TTTAAGATTT TTGACATCTT TATCCTCCAA TCTACTTATA AAATATTGTA	240
	ATTAATGACT ACATATTATG CAACGGCTTA AATTGTATAA AAATGTATAC GTTTGCATTT	300
	AGTATAACTA TCGCATTTTT CAAAAAATAC ACATTTAATC TGCAGTATTT CAATGCATTG	360
25	ACGCTATTTT TTGATATAA TTACTTTGAA AAATACGTGC GTAAGCACTC AAGGAGGAAC	420
	TTTCATGCCT TTAGTTTCAA TGAAAGAAAT GTTAATTGAT GCAAAAGAAA ATGGTTATGC	480
	GGTAGGTCAA TACAATATTA ATAACCTAGA ATTCACTCAA GCAATTTTAG AAGCGTCACA	540
30	AGAAGAAAAT GCACCTGTAA TTTTAGGTGT TTCTGAAGGT GCTGCTCGTT ACATGAGCGG	600
	TTTCTACACA ATTGTTAAAA TGGTTGAAGG GTTAATGCAT GACTTAAACA TCACTATTCC	660
	TGTAGCAATC CATTTAGACC ATGGTTCAAG CTTTGAAAAA TGTAAGAAG CTATCGATGC	720
35	TGGTTTCACA TCAGTAATGA TCGATGCTTC ACACAGCCCA TTCGAAGAAA ACGTAGCAAC	780
	AACTAAAAA GTTGTGAAT ACGCTCATGA AAAAGGTGTT TCTGTAGAAG CTGAATTAGG	840
40	TACTGTTGGT GGACaAGAAG ATGATGTTGT AGCAGACGGC ATCATTTATG CTGATCCTAA	900
	AGAATGTCAA GAACTAGTTG AAAAACTGG TATTGaTGCA TTAGCGCCAc ATtAGGTTCA	960
	GTTTCATGGTC CATACAAAGG TGAACCAAAA TTAGGATTTA AAGAAATGGA AGAAATCGGT	1020
45	TTATCTACAG GTTTACCATT AGTATTACAC GGTGGTACTG GTATCCCGAC TAAAGATATC	1080
	CAAAAAGCAA TTCCATTTGG TACAGCTAAA ATTAACGTAA AACTGAAAA CCAAATCGCT	1140
	TCaGCAAAAG CAGTTCGTGA CGTTTTAAAT AACGACAAAG AAGTTTACGA TCCTCGTAAA	1200
50	TACTTAGGAC CTGCACGTGa AGCCATCAAA GAAACmGTTA AAGGtAAAAT TAAAGAGTTC	1260
	GGTACTTCTA ACCGCGCTAA ATAATTAATA TTTAGTCTTT AAGTTATTAA TAACGTAGGG	1320

AATAAATAAA ACAGTTTGAT TTTAAATGA AAGCGTAAAA ATGGTAAAT ATATCAAAAT 1440  
 TGATTGTGAT A 1451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 678:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 678:

nGTATTGAAG CGGTTAAACA AACACCTAAT GCAACTGACG AAGAAAAGCA GGCTGCTGTT 60  
 AATCAAATCA ATCAACTTAA AGATCAAGCA ATTAATCAAA TTAATCAAAA CCAAACAAAT 120  
 GATCAGGTAG ACACAACTAC AAATCAAGCG GTAAATGCTA TAGATAATGT TGAAGCTGAA 180  
 GTAGTAATTA AAACAAAGGC AATTGCAGAT ATTGAAAAAG CTGTTAAAGA AAAGCAACAG 240  
 CAAATTGATA ATAGTCTTGA TTCAACAGAT AATGAGAAAG AAGTTGCTTC ACAAGCATT 300  
 GCTAAAGAAA AAGAAAAGC ACTTGCAGCT ATTGACCAAG CTCAAACGAA TAGTCAGGTG 360  
 AATCAAGCAG CAACAAATGG TGTATCAGCG ATTAAAATTA TTCAACCTGA AACAAAAGTT 420  
 AAACCAGCTG CACGTGAAAA AATCAATCAA AAAGCGAATG AATTACGTGc TAAGATTAAT 480  
 CAGGATAAAG AAGCAACAGC AGAAGAAAGA CAAGTAGCAC TAGATAAAAT CAATGAATTT 540  
 GTAAATCAAG CCATGACAGA TATTACGAAT AATAGAACAA ATCAACAAGT TGATGATACA 600  
 ACAGTCAGCG CTgATAGCtT GCTTTAGTGA CGCCTGACCA TATTGTTAGA GCgCTGCTAG 660  
 AGATGCGT 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 679:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1906 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 679:

GATCCAAATT TAAAAGGAAA AATAGCCTTt' AACGAATTTA CGAAACAAA' TGAATGTTTA 60  
 GGGAAAGTGC CATGGAATAC TAATTTTAAG ACACGTCAAT GGCAAGACGG TGATGATAGC 120  
 AGTTTAAGAA GTTATATCGA AAAGATTTAT GACATACACC ATTCAGGTAA AACAAAAGAT 180

	ATCGTGGGAT GGACATAAAC GCCTTGAAAA GTTATTTATC AAATACTTAG GTGTTGAAGA	300
	CcTGaAGTGA ATAGAACAAC TACCAAAAAA GCATTGACTG CTGGAATCGC TAGAGTAATG	360
5	GAGCCTGGAT GTAAATTTGA CTATATGCTT ACACTTTATG GTCCTCAAGG TG TAGGTAAA	420
	TCTGCTTTGC TAAAAAAATT AGGTGGTGCA TGGTTTTCTG ACAGTTTAGT TTCTGTTACA	480
	GGTAAAGAAG CTTATGAGGC CTTACAAGGC GTTTGGCTAA TGGAAATGGC AGAACTTGCA	540
10	GCTACAAGAA AAGCTGAAGT TGAAGCTATT AAGCATTTCa TATCTAAACA AGTTGACCGA	600
	TTTCGTGTTG CTTATGGGCA TTATATTGAA GATTTTCCAA GGCAATGTAT TTTCATTGGT	660
	ACAAC TAATA AAGTTGATTT CTTAAGAGAT GAAACTGGTG GAAGACGTTT TTGGCCAATG	720
15	ACTGTAAATC CAGAGAGAGT TGAAGTGAAC TGGTCTAAAC TAACCAAAGA TGAGATTGAC	780
	CAAATTTGGG CAGAAGCTAA ACACTATTAT GAACAAGGAG AAGATTTATT CCTTAACCCCT	840
	GAACTAGAAG AAGAAATGCG TTCAATACAA AGCAAACATA CTGAGGAATC TCCATATACA	900
20	GGCATTATTG ATGAATATCT TAACACACCCm ATTCCTAGCa ATTGGGATGA CTTAACTATC	960
	TTTGAACGAA GACGATTTTA TCaAGGTGAT GTTGATATGT TACCACAGG AAATGTaGAT	1020
25	TACGT TAAAA GAAATAAAGT CTGTGCGCTT GAAGTGTTTG TTGAATGTTT TGGTAAAGAT	1080
	AAGGGAGATA GTAGAGGATC TATGGAAATT AGAAAGATTT CAAACATCTT AAGACAATTA	1140
	GACAATTGGT CTGTATATGA TGGTAATAAA AGTGGGAAAA TTCGATTTGG AAAAGATTAT	1200
30	GGTGTACAGA TAGCTTATGT AAGAGATGAA AGTTTAGAGG ATTTAATATA AGAAATATTG	1260
	AATAAATATG CATTTTAGAG TGTGTATCA GATGTTGCAT CATTTTTTGA GTGATGCAAC	1320
	ACGGGAGTGT AAAAAGTAAT CGTAGGTGTT GTATCATTTT TGGTGATGCA ACATTGATGC	1380
35	AACAAATGAT ACAACACCTC TTTCTTTTCT AGCTGTAGGG TTCAACCCTG TTTGTTTCCA	1440
	ATGTTGCATC AAATTCAC TAAGGTTTAA AAAGTAGTGT TAGGGAGTAA AGGGGTATAG	1500
	GGGTAACCCCT CTAACAGCTA TTTT TAAAAG TTTGGCAAGA ATTGATACAA CATCGGAACA	1560
40	CAAATATAAA TTTTGTATAC AAGGTGAATA AATGAAAGAA TCGACATTAG AAAAATATTT	1620
	AGTGAAAGAG ATAACAAAGC TAAACGGTTT ATGTTTAAAA TGGGTCGCAC CTGGAACAAG	1680
45	AGGTGTGCCA GATAGAATTA TTATTATGCC AGAAGGAAAA ACATATTTTG TAGAAATGAA	1740
	GCAAGAAAAA GGAAAGTTGC ATCCTTTACA AaAATATGTG CATAGACAAT TTGAAAATAG	1800
	AGaTCATAAA GTATATGTGT TATGGAATAA AGAACAAGTA AAaACTTTTA TCAGAwTGGT	1860
50	AGTGAACATT TGGCGATTGA CTTTCAAACC ACATAGCTnT CCAAAG	1906

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 680:

55

(A) LENGTH: 948 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 680:

10	AATTATTTGA ATAAATTAGC AATTAAAGAG TTGATTTGTC AGTTTAAGyA TTTGAGTGCA	60
	TTTGAAAAAG ATGTCATGTA TTTAATGTGT GAACAAATATA AGCCGAGAGA AATTGCTCAA	120
	TTGATGCATG TAAAAGAGAA AGTGATTTAT AATGCCATAC AACGATGTtA AAATAAAATA	180
15	AAACGTTATT TCAAAATGAT TTGAAAAGCG CCTTAGGACG TGAATTGAAT TATAACGTGT	240
	TACTTACTGA TGGTTTGACA TTTGTTATAA ATTTTATGTA TAGTATACTG GTATTATAAT	300
	GAATAAAGGT GAATTATTGT GAGAAAAATA CCTTTAAATT GTGAAGCTTG TGGCAATAGA	360
20	AATTATAATG TTCCTAAGCA AGAAGGCTCG GCAACAAGAT TAACCTTAAA GAAATATTGT	420
	CCAAAATGTA ACGCGCACAC AATTCATAAA GAATCGAAAT AAATACATTC GAAATAATAC	480
25	TTTGATAATA TGTTCAAAGG ATTTGGAGGT TGAGCAGATG GCTAAAAAAG AAAGTTTCTT	540
	TAAAGGCGTT AAGTCTGAAA TGGAAAAAAC AAGTTGGCCG ACGAAAGAAG AGCTATTTAA	600
	ATATACTGTA ATTGTAGTTT CTACTGTTAT ATTCTTCTTA GTCTTTTTCT ATGCCTTAGA	660
30	TTTAGGAATT ACAGCATTGA AAAATTTATT ATTTGGTTAG AGGAGTGAAG ACATGTCTGA	720
	AGAAGTTGGC GCAAAGCtTG GTATGCAGTG CATACATATT CTGGATATGA AAATAAAGTT	780
	AAAAAGAATT TAGAAAAAG AGTAGAATCT ATGaATATGA CTGAACAAAT CTTTAGAGTA	840
35	GTCATACCGG AAGGAAGAAG GAAACCTCCA GTAAAnAAGnT GGCCAAGCCT AAAACCGCCT	900
	GTAAAAAAA ACCATTCCCC TGGGnTAnGG TTTTAAGTGG GAATTTAA	948

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 681:

40

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 863 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 681:

50	ACAnATAATA ACAAAGCGCT TGCTAGTACC TCTTAAAAAG ATGATGCTAG CAAGCGCTTk	60
	TCTATACTAT ATATTATTTT TCTAAAATTT TAACACCCTC TTGAGTGCCT ACAATAACTT	120
55	GATCTGCCAT ATCTAAGAAG TATCCTGTCT CAAACACACC TGTCAGATGA ATTAAATACT	180

TATCAGTTAT AAATGCGACA TCTTCGTTTA CACGACGTTT TACTTTTATA TCAGCGTATG 300  
 ATTCAATTTT ACGTAATATG TGATACCAGT TAAATTTATC CACCTCTACT GGTAACCTAA 360  
 5 ACGTCTCACC TAAGTATTGA ACTATTTTCG TTTCATCGAC AACCACAACA AAACGCGATG 420  
 CCATTTTCATC TATAACTTTC TCTCTGAACA GCGCACCACC GCCACCTTTA ATTATATTTA 480  
 AAGATGGATC TACTTCATCA GCACCATCAA TTGCTAAGTC GATATGATCA ACATCATTGA 540  
 10 TTTCACATAT TTAAATACCT AATTCTTTTG CTAAAAATGC AATTTTATTA GAAGTGCATA 600  
 CACCTGTAAT ATTGTAACCA CGTTCTTTAA TTAGTTGCGC CATTTGAGGT AAGAGTAATT 660  
 15 CCATTGTACT TCCTGTACCA ATTCCCAGCG TCATGTCACC ATTGATTkGA CTTAAACAT 720  
 CATTTAATGT CATTAACCTG AGTGCTTTGA CATCTTTCAT GAAGGTAGCC TCCCATATTT 780  
 AtGTAATCTA TTCAATTCAT ATTTTACATG ACTCGTATAA ATTAACATAC CCTTATnGCT 840  
 20 AACCATTGTGT GTTAAACATA TCG 863

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 682:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 480 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 682:

TTCATTTTTG TTGTTcAGCA ATTTTGGTCC GAATTTCAAT TCATCAGATG ATAGCTCTAT 60  
 35 TAATTCTGTA GAATATTCTG CtACAACAAT TTCATAAATA TGGCCTTTTTT CTTCCATTAT 120  
 TATTTcATCa ATTATTTcAT AATTCAATTG TTGTAATGTT TGTCTTAAAT TTTcAGTTTG 180  
 GATATTACTT TGTAaaATCA ACCTTGgATG TTGACTTAAc TTATCTTGCC CATCTTTTAA 240  
 40 AATTTTAGCA ATAAGTGGTC CGCCCATACC ACAAATTGTG aTATTATCGA TTACGTCCTC 300  
 AGGTGGAATA ACACTTAAgC CATCCCCTAA ACGTACATCA ATTCTATCTA CTAATTGGTT 360  
 TGCAGCTACA TTTTTCACAG CAGCTTGAAA AGGGCCTTGA ATAACCTTCTC CAGCAATAcC 420  
 45 GaTTcGCATA AATGGTTTTG AATTGCATAG ATTGGCAAAT AAGCATGATC TGAGCCAATA 480

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 683:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 689 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 683:

	CTGCAAAAAA TATTGGTATA ATAAGAGGGA ACAGTGTGAA CAAGTTAATA ACTTGTGGAT	60
5	AACTGGAAAG TTGATAACAA TTTGGAGGAC CAAACGACAT GAAAATCACC ATTTTAGCTG	120
	TAGGGAAACT AAAAGAGAAA TATTGGAAGC AAGCCATAGC AGAATATGAA AAACGTTTAG	180
	GCCCATACAC CAAGATAGAC ATCATAGAAG TTCCAGACGA AAAAGCACCA GAAAATATGA	240
10	GTGACAAAGA AATTGAGCAA GTAAAAGaa AAGAAGGCCA ACGAATACTA GCCAAAATCa	300
	AACCACAATC CACAGTCATT ACATTAGAAA TACAAGGAAA GATGCTATCT TCCGAAGrTT	360
	gGCCCAAGAA TTGAACCAAC GCATGACCCA AGGGCAAAGC GACTTTGTTT TCGTCATTGG	420
15	CGGATCAAAC GGCCTGCACA AGGACgTCTT ACAACGCaTA AcTACGCACT ATCATTcAGC	480
	AAAATGACAT TCCCACATCA AATGATGCGG GTTGTGTtAA TTGAACAAGT GTACAGAGCA	540
20	TTTAAGATTA TGCGAGGAGA GCGGTATCAT AAGTAAAACT AAAAAATTCT GTATGAGGAG	600
	ATAATAATTT GGaGGGTGTT AAATGGkGGa CaTTAAATCC mCGTTCATTC mATATATAAG	660
	ATATATCAGC GTAATTGCGC ATATAACTT	689

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 684:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 858 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 684:

	TTATTAAATT GGTATGTGTT CATTATACAT ATGaCAAATA TGaATGTAAA CCGATAATTT	60
	AGATTTTTTG GAATAACCTG AAAATTCAAG TTaTAGCGTT GCTTATATTT TAAAAGGTGG	120
40	TGATAATGAG ACTTTTTGAA AAATAAAATT CAAAATACTT ATAGCATAAT CAATATGCAC	180
	ATTAAATAAA TGTACTCTTT TAATGCGTTG ATAAGTGTAT TTGTAATTTA GAGAAGGGGT	240
	GTTCACTATG CTGATGTGTT AAAAAATAAA ATAAAAAGGA CACCTCGATG CTATAAATAT	300
45	TAGCATCGAG ACGCCCAAGT AATGTCTATT AAATTGAATA TAGTCTCGGA CATGAATCAA	360
	TGCCCTAGGC CCTGCAATGT TATATTGACA GTAGTTGACT GAATGAAAAT GACTTTGTAG	420
50	CTAGCTTTTT TCAATCCTTG TCGGTGCAAC ACATAGAGAA ATTGGATTCC TAATTTCTAC	480
	AAACAATACA AGTTGCGGAA TAAGTCCCAA TATAGAAGGT GACAGTAAGC CAACTTACAA	540
	TAATGTGCAA GTTGGTCGGG CCTCAATACA GAGATTTTCG AAAAGAAATT CTACATATTA	600

GCCACCTTGT TTATTTAAAT CGATAACACG GTTTGCGATT GTATTGATAA ATTCAAAGTC 720  
 ATATGAAGTA AAGATAATAG AACCTTTGAA TGATTTAAGT CCATCATTAA CAGCAGTAAT 780  
 5 ACTTTCTAAG TCTAAGGGTT GTGGGTCATC AAGTAAAAGA CGTTGCCCTG ATAACATCAT 840  
 TTACTAGCAN CACGACTT 858

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 685:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1747 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 685:

20 TTAGTATTTT CAGGhTGGAA ATTGATGTTT GAAATTCACt GAAATGGGCC AGAACCTgAA 60  
 ATGaaACTTT ACCAACAATT TGGtCTTCAT CAATGAGGCC AAACGCACGG CTATCTTTAC 120  
 TTACTTCACG ATTATCTCCA AGCACTAAAT ATTTACCTTT TGAATGACA TTTGATTTAG 180  
 25 GATTTCGcATT CGGTAAATCT TTAAC TTGGA AAGTCCCAGT AATGTAATCA CCTTGTTTAT 240  
 GTTTTAAATT GTAGTTTAAA TATGGTTCAT CTGTTTTTTT ACCATTGACA TATAATGTAT 300  
 CATTTTTGTA TTCTACTTTA TCACCAGGAA CACCGATGAC ACGTTTAAcA TAGTCATCAT 360  
 30 TTTTGTTTGC ATGGAAGACA ACTACATTAC CTTTTTCCAA ACCACCTGTT TTATATCCAA 420  
 CAATGTTTAC AGCTACTCGC TCGCCATCTT TCAAAGTTGG ATCCATTGAT TCACCTTTAA 480  
 35 TTGTATATGG CGTAACAATA AATTTACCTA CTATAAATAA AATGACAAAA GCGACTGCAA 540  
 TTGAAATAAT CCATTCCAAT ATTTCTTTTT TCAATTTTGA CACCTCTTTT TAAGATTTGA 600  
 ACTGAACAGT CCATTTTGAA AAAGGATAGT ATCGTAAAcT AACATTACCA ATAATAtCCT 660  
 40 TTTTATCGAT TAAACCAAAT TGTCTTGAAT CGTGCTTGtK ATTATCTTGA TCATTTAGCA 720  
 CAACAAaATT GTTTGGCGGA ATAATATCAC CATCTAATTC TTTAAAATG CGCAAACTAA 780  
 AATCTTTAAT TTTTCTGTTC TTGGCATAAG ATGCGTCAAC CGGTCGGTCA TCACGGTATA 840  
 45 ATTGTCCCTG ACGAAACGCC ATTGATTGAC CAGGTTTGGC AATAATTCGA CTAGTATATA 900  
 TCTCGTTACC ACGCCTATAT GTAATGATAT CACCATTATT CAATTGATTA AATGTAACCT 960  
 50 TAATTTTATT TACAATAACA CGATCCCCTT TGTTAAGGGT TGGTGACATA TCATTATTcG 1020  
 GAATGACATG ACCAACTATT ACAAAGTTT GTACGAACAG TACAATGATA ATAGCAAGTA 1080  
 TCAATGAAAT CAAATATTTT ACAACTTTTT TCACGATGTC ACTCCTTTTT CGATCCCATA 1140

ATCCCTCTTA AAGGATGCGT TAAAATTGTA GTAATTTTCCT TACCTAAATA ACCTAAAATA 1260  
ATTGTTGAAA CTAACTTTGA TGATGCCAAA ACAATGAAAT AATATTTAGG TCTAATATGA 1320  
5 GATAGACTCG CTACAAAATT TATTAATGTA TTTGGCGTAA AAGGAAAACA AAGTAAAATA 1380  
AACAAATGGGA TTAATCCTTG GCGATCAATA AAATAATCA AGCGTTGAAC AGCAGTACGT 1440  
TGTTTAATTC GCTGCATCCT CTCAGTGTTT ACCAATCGTT TACAGATCAA ATAGACTGTA 1500  
10 AATGTTCCAG AAATTAATCC AAGCCAACTA ATCAATATAC CTAAAATAGG TCCATAAGCT 1560  
TGAATGTAA TTAATAATATA GAGTGCTAAA GGAAATACTG GAATTATAGC TCTAATATAT 1620  
15 AACAAATATA ATCCAGGTAA ATAACCAAC TGTCGAAATA TCTCAAACCA TTCTTCTACT 1680  
TGATGAAACG ACAAATCATC AATCCCTTTC TTTGGTTGAA GATAATTATT CTTACATTAT 1740  
AAAGTTA 1747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 686:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 645 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
25 (C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 686:

30 CGTAAAGATT ACTATTTAGG AGGGTGAATA TGAAAAAGAA ATTAGGTATG TTAATTCTTG 60  
TACCAGCCGT AACTTTATCA TTAGCCGCAT GTGGGAATGA TGATGGAAAA GATAaAGATG 120  
35 GCAAGGTAAC AATTWAAcGa CaGTTaTCCm TTGCAATcAT TTgCAGAGCA AATTGGTGGA 180  
AAACACGTGA AGGTATCATC AATCTATCCA GCAGGGACAG ATTTACATAG CTATGAACCA 240  
ACACAAAAAG ATATATTAAG TGCAAGCAAG TCAGACTTGT TTATGTATAC AGGGGATAAT 300  
40 TTAGATCCGG TTGCTAAGAA AGTTGCATCT ACTATCAAAG ATAAAGATAA AAAACTGTCT 360  
TTAGAGGATA AATTAGATAA AGCAAAGCTT TTAAGTGATC AACACGAGCA TGGTGAAGAG 420  
CATGAACATG AGGGACATGA TCATGAGAAA GAAGAACATC ATCATCATCA TGGTGGATAT 480  
45 GATCCACACG TATGGTTAGA TCCTAAAATT AACCAAAGTT TCGCTAAAGA AATTAAAGAT 540  
GAATTAGTGA AAAAAGATCC AaAACATAAA GATGACTATG AGAaAAACTA CnaAAATTAA 600  
50 ACGACGATCT TAAGAAAATT GATAACGATA TGAAGCAAGT TACAA 645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 687:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
55 (A) LENGTH: 956 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 687:

	TTTGTTACTG CTTCTAAAAT AATATCCTTT AATTGTTTAA CATGTTGGAT TGTCATATGA	60
10	GGTGATGGTA CATTAAAAGG ATTTAATTCA TCTATTTGTG CATATTGATT TATGACATCT	120
	TGATGCATTG AAATAGGGTT GATATCATTG GTTACTACTT TATTAGATTG GTCTTGTGAC	180
	ATACTAATGG TGCCACCAGT ATGAATAACA AGTAGATGTT TCATATATTT CCTCCTATAT	240
15	TTAATTTACC TAATTATGAT AAAATATTAT TCATAAAACG ACAAGGAAGG GAAATGACGC	300
	ATGAAAGCCA TTAATATTGC ATTAGATGGT CCAGCTGCTG CCGGAAAAAG TACAATTGCG	360
	AAACGTGTAG CCAGCGAACT ATCAATGATT TATGTCGATA CAGGAGCAAT GTATCGTGCA	420
20	TTAACATACA AATATTTAAA ATTAAACAAA ACTGAGGACT TTGCAAACT AGTTGACCAA	480
	ACAACATTAG ATTTAACTTA TAAAGCAGAT AAAGGTCAAT GTGTCATTTT AGATAACGAA	540
	GATGTAACAG ACTTTTAAAG AAATAATGAT GTGACGCAAC ATGTTTCATA CGTTGCATCT	600
25	AAAGAGCCAG TACGTTTATT CGCCGTTAAA AAACAAAAAG AGTTAGCTGC AGAAAAAGGT	660
	ATCGTAATGG ATGGTCGCGA TATCGGAACT GTAGTGCTAC CAGATGCAGA TTTAAAAGTA	720
30	TATATGATTG CATCAGTTGA AGAGCGAGCA GAAAGAAGAT ATAAAGATAA TCAATTAAGA	780
	GGTATCGAAT CAAATTTTGA AGATTTAAAA CGTGATATTG AAGCTCGTGA TCAATATGAC	840
	ATGAACCGTG AAATATCACC ATTAAGAAAA GCAGATGATG CAGTGACATT AGATACGACm	900
35	GGCmAGTCGA TTGAAGAAGT TACTGACGAn ATTTTAGCGA TGGTGAGTnC AATTnA	956

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 688:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40	(A) LENGTH: 1166 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 688:

	AAAAGGGAGG AAAGAGAACA GTTAAATATG AATACAAAAT AATTTTGTTT TCGGACAGCA	60
50	GGGGTATTAG ACGCGATTGA CAATGTCGTG TTAATTAAAC GTAATGTTTA TTAAAGCGAT	120
	GAATATTAGG TGAAAAGTTT TTGAATTTGA ATGTAATTGA GGTTTATTGA TTAGACATTT	180
	TATTGAATTG CGTGTTATTA TATAAATGTA AAAATAAGAC GACATGCGCG AACATGTCGT	240

55

TAATGCGGAA TGGTTTTTTT ATTTCCGCT AATTGAAATA AAAATGACGT TTTAATATAT 360  
 TATGGGCTAG GTGGTTTGTA AGAAAGGGTT AGTTATTAAT GTTTTATGAA TTAAGGAAAT 420  
 5 TTGAGTTTAA GGTTTAATCA ATTGTGATTT TGTTGATGAA GCGTTTAGTT AGAGTATTTT 480  
 CGCCACCACT AGTTACTCCT TCTCCCACTT TACCCGAGAC TGGAGAAGAG CTATCTGAAG 540  
 10 AATAAATAGA TACTTTTTTG CCATTTTGTA GTAAACCAAG ACCTTTTAAC TkCTCGGTTA 600  
 GAGAATTCCA TGTATTTTTA GCATCTAGCT TTTTGTTAAA GTCAyCGTAG ACATTTTCCT 660  
 TAGTTAAATC AATTGTGTTT AATCCTTTAA AGTCTATAGA TTGTGTTAGA TGGCCTCCAT 720  
 15 CATCATTTTC AGGAGCAGAA ACGCTGCTAG AATATCCATT GCTTAATAAA TAAGTAACGT 780  
 TGATTGTTTC GTACTCGTTA CTTAAAATAA TATCAGAATC ATGTAaGAAT CTTTAACTTT 840  
 TTTCCATAAT TGACCATCTG TCATTTTTTC TTCTGCTTTA GCCGTTTTAA CAACTTTATT 900  
 20 TGTATCTAAT CCTAAGTATG AAGAATGTAA GCCTGTTCTT AATGTTGTTA ATACTAAAGC 960  
 ACTTGCTACT aATGTTTTAC CTAAAAAttT TGTATTCATT TTTATTGCTC CTTtTTTTAT 1020  
 ATTGTAAACG TTTACAATGA AAATATAATA ATAATTTTTT AAAAGAACAA TTAATAAAT 1080  
 25 ATCAAAAATG TATTAATAT CTATTAATA AAAAATAGAA TAATTTTTTA ACATAGTTTT 1140  
 GTTGTTTTGA ATTATAAAAA CTAAAG 1166

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 689:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1083 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 689:

40 AGCACTGAAG GATGGCTAGT TGTCATAGCA TATGCGGTCA TTGGTATAGT TATAACGAGC 60  
 GTTCTTATA TGTTGTCTAT TAAAATTTTT AACAAACAAG AACTAKAATT GTCGATTTTG 120  
 GTGATGATAG TATTTGAAAT AATATTTAGA GCAGGTGATA AATCTTTACG ATTGTCATCT 180  
 45 GTTCTTTTkg GTGTGGAATG AAATGTGGGG GATAAGTATA GGTGACATAT CTATATTGAT 240  
 TTATTTGTTT TGAGGTGGTT ATGTTGTGTG GGAATTATTT CCTTTTAGAT AGCGGGGATT 300  
 AGAGGATATA TGTTATTTAT AAGTATCATT TGATGATTGT ATAGGCTAAC GATTCCTCG 360  
 50 GAAATATTTA AAAACCTCGA TCATGTAGCA TAACTGAAGT TTGTCACAAA AGTATAATGT 420  
 GAAGTTCGAC ACTTTTGaT TCAGTTCAAA TACTTTGACC GAGGTAAATA CTATTTATTC 480

TGATACTGAG ATAATCATTa CATGGTCGTG ACCTTTAAAT AAAAGGCTGA CAATATAAGA 600  
 CATAACGAGT ATACCTAGTG AATATGAAAT ATACTTCGCG TTTGTCAGTT CATTATGGAA 660  
 5 ATAAGGCGTG ATTAACCATA ATCCAATATA GAATATTAAA AACTGATAT ACATCATATT 720  
 AATTTCAAAC AAGTCATTTA GTTTATTGTT ATTACTAAAA ACAATTGCAG CATTAAATCAC 780  
 ACCTAAAGCG ATATTGATTA ATAGATGCGT ATACGATAAA CGGAAACCGA TAGATGTTAA 840  
 10 TTTATGATTA ATATAATTTT CAGTAATGAT CCAATATACA CCGAAAAGAC TAATTAAAAT 900  
 CATAAATTGG AATATATAAA TGTAATAAA ATGATCAATG CTAAATGATG ACGAAGCTAA 960  
 15 ACCAACCAGT ACCTCGCCAr AGWtAtAATT GTTAGTAACG AAAAACGTCT ACTAAATGCA 1020  
 TCATATTAAC AGGTnTAATA CAAGTATTTTc TGAAATGGAA TAAGnCTGTC GCTGCATGAT 1080  
 ACG 1083

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 690:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 627 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 690:

30 TTAATCATCT GGATGTATTT AGTATTnAGA ATAATAAnAA AACGATCATG TTGTATtTGA 60  
 GTAGCGATTG GTTTGCGGAA TTAGGCTTTA CTTTCTTTAA TTACCACTAT ACAGCAAAGT 120  
 35 TGATTAAATC ATCCTATAAT TTGAAATGTC TACTATTAAA ATTGACATAT CGATACCTTG 180  
 ATAATCAGCC TCTTAATGAC GCTGATAYTA GAAAATTACA GGATATTATT AAAATCATTG 240  
 CAAAAGAAGC AAGTATGGAT AAAAAGATTG CACAAAATCA ATATCGATAT GCGTATTATG 300  
 40 GTGATTTGCG TGATGAGCTC GAATATATTT ATCAAAATGT AAATCAACGA TTGACATTAA 360  
 AAAGTGTCGC TGATAAATTA TTTGTCTCAA AGTCAAATTT GTCATCACAA TTCCACTTAC 420  
 TTATGGGCAT GGGTTTTTAAA AAATATATTG ATACTTTGAA AATnGGTAAA TCGATTGAAA 480  
 45 TTCTACTTAC TACTGATAGT ACTATTAGCA ACATAAGTGA nCATTTAGGT TTTAGTAGTA 540  
 GCTCCACTTA CTCTAAAATG TTTAAAAGTT ATATGGATAT CACACCGAAT GAATATCGTA 600  
 ATTTATCAAA ATATAATAAn TGTTTAC 627

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 691:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 641 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 691:

TTGAACGTAA TGCTAGCAAA TGACTTTGTG CCATAAAATA TTCTTCCCAT TTGATTCTTT 60  
 CCAAGATGTT CACCTTCCAT ACTTAAAATT TAGTAACATT TTCTAATAAT ATAAGATTAA 120  
 TCACAAAAAA TAAATTTTGC AATTAAAATA ATCCATTATG TCGTGAAATA AGATTTTCAGT 180  
 TTATCAAAAG TTTTACTTCC AAAACCTTTT ACTTTTTTCA AATCGTCAAT TTCTTGAAAT 240  
 GCACCTTGTT GGTGCGATA TTCAACAATT GCATTAGCTT TAGCTTGCCC AACTCCAGGA 300  
 ACAGACATCA ATTCTGATAC AGATGCCGTA TTTAAATTTA CTTTAGTATT ATTTGTGTTT 360  
 CCATTTTTTT CGTGCACT GTTTACTTCA ATTTGTGGTT CAACATTCTT TTGTCCTTTA 420  
 TGAGGTATGA AAATCATTTT TTGATCTGTT AATTTTTTCAG ACAAATTAAT TTGACTTACA 480  
 TCTGCATCCT CCAATAATTG TGCTTTATCA AGTAAATCAA CTA CTCTATC CTTAGATGTC 540  
 ATTTTATAAA CATTAGGATG TTTAACAGCA CCTTTTACAT CGACATATAC AGGACCCTTA 600  
 TTTTGGAAAT TATCTCCATC TTGACCTGG ACATCTTCTA C 641

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 692:

30

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 631 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 692:

TATTAAAGnA CTTGATGAAC CAAATCATAA AAAGCnATAT ATGTTATTTG CAGCTGGCAT 60  
 TGTGTTnGCA ACTATTTTAC TTATTTCCGC ACATTTATAC AGCAGAAAGA GAGGTAACCA 120  
 AGTTTGAGAA TCATAAAGTA TTTAACCATT TTAGTGATAA GCGTCGTTAT CTTAACCAGC 180  
 TGTCAATCTT CCAGTTCTCA AGAATCAACT AAATCCGGCG AATTCAGAAT CGTACCAACA 240  
 ACTGTTGCAT TGACAATGAC ATTGGACAAA TTGGATTTAC CAATTGTCGG CAAACCCACG 300  
 TCATATAAGA CATTGCCTAA TCGTTATAAA GATGTACCGG AAATTGGTCA ACCAATGGAG 360  
 CCGAATGTTG AAGCTGTAA AAAGTTAAAA CCAACACATG TTTTGAGTGT GTCAACGATT 420  
 AAAGATGAAA TGCAACCATT TTACAAACAA TTAAATATGA AAGGCTACTT TTATGATTTT 480  
 GATAGTTTAA AAGGGATGCA AAAGTCGATT ACACAATTAG GTGaTCAATT TAATCGTAAA 540

55

GCAGCTAAAC AAAAGAAACA TCCCAAAGTA T

631

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 693:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1111 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 693:

15	AATTTAACTA TGTTTTCCAC ATTGTTTCAT GTCACGAAAA GGACAACGCG CGACTATAAG	60
	TATCAACTAT TTCCACAAGT TTTATTGGTG TTTTATTAT TCATCGATAC GCTTCATTTT	120
	CATCTCTCCA ACACAAAAAA GAAGCTAAGC AACTTATGTT GCCTAACTCC TCTATACTAT	180
20	CCATATTTTA CTATTATCCA TATTTTCATTG AATTATCTAA TGTGCGCTTC TATTTTTTCA	240
	ATATTTCTAC CGTCAATGAC GTCACCTCATG CGATTTGTTT GTAATTTTTT ATTAAGTTCA	300
	AACGTATAAT AGCCGCCATC TTTCATTATC ACTTTTATCT TACTATCTTT AGGAAACTTT	360
25	TTATACAGAT CAAAATTTTG AATTAAATAC TGTCTCAATT TAAAGTCGAG TTCTTTAAGT	420
	GAAATCTCTT CTTTATAAAT GTAGTGTACT CTACCGTACG TAGCAATACC GTCACCTTCA	480
	TCTCTCTTGA TTTGAAATCT TGGTGCGTTT ATATAATCAT AATAAGCGTC TTGATTTTTTC	540
30	TTAGTGACAC CACCATATGA AAACACTGTG CCATTACGGT TTTCCGCTTC TTAAACAACA	600
	AATATGTCTA ATCCCGGATT TTTACGTGCT TTAAATCTTT CAATATCTTT ACCAAATATC	660
	TGTACTCTTG TGAATTTTCT ATTTTATCA AAGATAAGGT AATGCTTGCC ACCTTTGCTA	720
35	TAACGATAAC CAGTAACATT TTTAAGTTCC TTACTTGCGC CACTATAGTA ATCTCTTAAG	780
	TCAAAGATAT CTTTGTGCAC ATTTTCATAT TTTGCTTTAT GTTCACTCGC ATTTACAGTT	840
40	TGATGCAATG ACGTTATTGT TCCTGTTGCT AAAATACCTA ATGCTAAACT TGCTTTCGCA	900
	ATTGCTGTCA TTTTCATAGT TGTATGCTCC ATTCGTAATT ATTAGATTG TTCGCTTACG	960
	TCTATTGAAT CATAAGCTT TATTATAGTT AGCGTATTTG ACCTTTCACA TTAAACCATG	1020
45	TTTAATAATC ATTGAATCAT TATTAAGTAA ATTAAGGATC TATAATGTTC GTTAAATAAA	1080
	CTGAnCCCCGT TGTGCTTCAC ACCCGnTnGA T	1111

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 694:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 426 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 694:

5 TTATGGATGG ATTAAGAGGT CGTGTGAAA AAATCAACGA TAACTCTGTT ATTGTTGACT 60  
 TAACAATTAT GGAAAATTTT AATGACCTTG ATTTACCGGA AAAAACTGTT ATCAATCATA 120  
 AACGATATAA GATTGTTGAA TAAGAAGGTA AGTTATAATG AATAAAATCT CGAAGGCTTT 180  
 10 AACTTGGTTT ATTATAAGTT TCATTATATT TCATCTCATA TTATTTATTA TGTGGGGCGA 240  
 ACACCAAGAA TACTGGTATT TATATACAGG TATAATGCTA ATTGCTGGTA TCAGTTATGT 300  
 15 ATTTTATCAA AGAGATATTG AATCTAAGCG GTTGCTTACA TCAATTGGTG TTGGTATTAT 360  
 TACGGCAATT ATTTTAATTA TGCTTCAACT TTTATKCTCA CTTATAACTT CTAATTTAAG 420  
 TTATAG 426

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 695:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 737 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 695:

30 AAAAGGGGnG TAAGGTTTAG CTCAAGTACG AGAAGTCTTT GGTGATGAAG CAATTGATGA 60  
 AAATGGTGAG ATGAATCGTC GTTATATGGG TGATCTAGTG TTTAATCATC CAGAAAAACG 120  
 35 CTTAGAATTA AATGCTATCA TACATCCTAT CGTGCGAGAT ATTATGGAAG AAGAAAAGCA 180  
 AGAATATTTA AAACAAGGAT ATAATGTAAT CATGGATATT CCATTATTAT TTGAAAATGA 240  
 ATTGGAAAAT GCAGTAGACG AaGTGTGGGT TGTATACACT TCTGAAAGTA TACAAATGGA 300  
 40 TCGTTTAAATG CAACGTAATA ATTTGTCATT AGAAGATGCG AAAGCACGTG TCTATAGCCA 360  
 AATTTCTATT GATAAAAAAA GCCGAATGGC CGATCATGTT ATCGATAATT TAGGGGATAA 420  
 ACTTGAATTA AAACAAAACC TTGAGAGATT GTTAGAAGAA GAAGGTTATA TTGAAAaGCC 480  
 45 GAATTACGGA GAAGAAGATT AATATTACAC TATAAATAAG TCATTACTTT ACGTACGCGT 540  
 TGATGTATGT AAGTAATGAC TATTTTTTAT AAAAAAGATA AATAAATCAA CGGAAAACGC 600  
 50 TTTCAAATTT CATATAATAT GCTATACTAA TTCCATAAAG TATAACACAT AAAGATCAAG 660  
 GGGTGCTTTT AATGTCAACG AATATTGCAA TTAATGGTAT GGGTAGAATT GGAAGAATGG 720  
 TATTACGTAT TGCATTA 737

55

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 432 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 696:

```

10 AACGATAAGA ACAAAGATA TATTACAAAG CGTTTATTTA AAACGTTATT TATTACGCGC      60
   GATGATGGCA GGATTATTATA TCGGGATTAT TACGGTCTTC GTATTATCAG TTAAAGCAAC      120
   ACACGAACCA GATTTACCGC CAGgCATTGT GAATATGGCC AGTGCCATTA CATTGAGCTT      180
15 TCGCTTAGTA CTCATTTTAT TTACAAACTC CGAACTACTA ACCAGTAACT TCATGTACTT      240
   TACTGTAGGC CTGTATTmTA AAGTAATTAA ACCAACTAGA GTATTGaAAA TATTTTTATT      300
20 ATGCTTTGCA GGAAATATTT TAGGTGCTGC TATTTyATTT AGTTTCATGC GTTTTTCAAA      360
   TGTAATGACG CCAGATAwGt TAAAyCAGTT ATCAGCAGTT ATAGAGCATA AAACGTTGTC      420
   TACTGGTTTT GT                                          432

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 697:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 782 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 697:

```

35 CTTTTATACG AAAGTTAAaA TCAAATATAA CATTAAATGTT TGATGGGGAT TTTGCGGGTA      60
   GTGAmGCAAC ACTTAAaACA GGTCAAAATT TGTTACAGCA AGGGCTAAAT GTATTTGTTA      120
40 TACAATTGCC ATCAGGCATG GATCCGGATG AATACATTGG TAAGTATGGC AACGATGCAT      180
   TTACTGCTTT TGTAaaaaAT GACAAAAAGT CATTTCACAC TTATAAAGTG AGTATATTAA      240
   AAGATGAAAT TGCACATAAT GACCTTTCAT ATGAACGTTA TTTGAAAGAA CTAAGTCATG      300
45 ATATTTTCGCT TATGAAATCA TCGATTTTGC AACAAAAGGC TTAAATGAT GTTGCAACCAT      360
   TTTCAATGT TAGTCCTGAG CAATTAGCTA ACGAAATACA ATTCAATCAA GCACCAGCCA      420
   ATTATTATCC AGAAGATGAG TATGGCGGTT ACATTGAACC TGAGCCAATT GGTATGGCAC      480
50 AATTTGACAA TTTGAGCCGT CAAGAAAAAG CGGACnAGCA TTTTAAaAAC ATTTAATGAG      540
   AGATAAAGAT ACATTTTTTAA ATTATTATGA AAGTGTTGAT AAGGATAACT TCACAAATCA      600

```

TATCAGTGAT GCTGTGCAGT ATGTTAATTC AAATGAGTTG AGAGAAACAC TAATTAGCTT 720  
 AGAACAAATAT AATTTGAATG ACGAACCATA TGAAAATGAA ATTGATGATT ATGTCAATGT 780  
 5 TA 782

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 698:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 714 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 698:

AAATCATTGG CAAAATATAC GAATTGCATT TAAATCGTCA ATTTACATAT ATTTTTCGCGT 60  
 20 AGTAATCAAT CGTTATCATT GTTATTTATC GTTACATTAT TTCGAGTATC AGTATGTATT 120  
 TCGGGCTTCG TTTGATAACG ACATTTCTTT GTGACATCGC TTCATCAGTG TAACAACAAA 180  
 TACAATGATT TCGTGATGTT AGTTACCCAT TTTATGTGTT GCATAAAATA TGTTGTTATA 240  
 25 AAACATTTTA AATCATTTTA TATAACAAT CTATATATTT TTGGCATTTC CAAAATATCA 300  
 CTTGTTATAT TAAAAACCGA CAAGACATTT TATCTTATCG GTTGAAATTT GTTATTGTTA 360  
 TTTGTAATGT TTTTAGGTTT CTTTTTAATA TAATATATTT CAGTGAAAAT ACATGATTGA 420  
 30 TTGTGATTTT ACTGAAACAT GGTTAATTGC GTTGTGATG AATAACTTTA GCATAAATAT 480  
 AGGAAGTTAT TTTGTACATC GCCATATATA GAAACGAAAT TATAATGACA GCTAGTACGT 540  
 AACTTGTTAA AAATATATGA TGGTTATTAA TACCTATCAT ATTTAGTAAC GTATATACAA 600  
 35 TGTTACTAGA AATTAATGTG TGAATCAGTG CTACTGTTAT TGGTATtGCG AACAAGAAAG 660  
 TCATTTGATT TCGTGTTATC TTTGCTATTC TTCCATTATC TAAACCAAGT TTTT 714

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 699:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 361 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 699:

ACTGAGAGCA ATAATTTAGT AACTTCTACT CAAGGAATTA TTAAAGAAGC ATTGCATAAA 60  
 TTGGGATTTG nnTTTAATTA AAGAACCTTT AAGAATGTTA CAAGTGCGTA TCCCTGTACG 120

TGGACCAACA AAAGGGGGCG TCGTTTCCA CCCAGATGTT GATGAAGAAG AAGTAAAGC 240  
ATTATCAATG TGGATGACTT TGAAATGTGG CATTGTGAAA CTTACCATAC GGTGGTGGTT 300  
5 AAGGGTGGTG ATCGTTTGTG GATCCACGTC AAAAGAGCAT TCCATGAAGT TGGAACGTTT 360  
A 361

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 700:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 943 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 700:

20 GTCCTTAATT GGTATCCACC TTTAGCACCG CGTACACTTC GAATTAACCC CGCATTTCCT 60  
AAAGGACCTA CAAGCTGTTC TAAATATAAA TCACTCAAAT TATTTTCTTC AGCAATTGAC 120  
TTTAATGATA TACATCCTTG CCCCTCTTTT TTAGCAAGAG AAATCATCAA TGTAAGTCCA 180  
25 TATCTCCCTT TAGTAGAAAT TTTCATTGTA TAACCTCACT TAATTCGAAT ATTGATATTC 240  
CCATTTTAGC ATTTTTTGAG TTAAGATAGT ATAAGAAAGG TGTGACAAAT GTGAGTACAG 300  
AACCATTAGC ATCGAGAATG CGCCCCAAAA ATATAGATGA AATCATTTCC CAACAACATT 360  
30 TAGTTGGACC AAGAGGCATT ATCAGAAGAA TGGTTGATAC AAAAAAATTA ACTTCAATGA 420  
TTTTTTATGG TCCACCTGGT ATAGGCAAAA CAAGTATTGC CAAAGCAATT TCGGGCAGTA 480  
CGCAATATAA ATTCAGACAA TTGAATGCTG TAACTAACAC TAAAAAGAT ATGCAACTTG 540  
35 TTGTTGAAGA AGCTAAAATG TCTGGTCAAG TTATCTTGTT ATTAGATGAA ATACATCGAC 600  
TAGATAAAGC TAAACAAGAC TTTTATTAC CTCATTTAGA AAATGGCAAA ATCGTCTTGA 660  
40 TCGGTGCTAC AACTTCAAAT CCTTATCATG CTATCAATCC AGCGATTCGT TCAAGAGCGC 720  
AAATTTTCGA GTTATATCCT TTAAATGACG AAGATGTGCG CCAAGCGTTA ACTCGTGCAA 780  
TAGAAGATGA TGAGAATGGT TTGAAACAT ATCaACCCAA AATTGATGAA GATGCCATGA 840  
45 CCTACTTTTC TACACAAAGC CAAGGTGATG TTCGTAGTGC GTTAAATGCA TTGGAATTAG 900  
CTGTATTAAG CGCAGATAAT GACAAAGACG GTTATCGACA TGT 943

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 701:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 445 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
55 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 701:

5 CATTAAAGTGA AGTTGTTGAT ACACCCATGC ATCAAGTCAA TTGTTCTGTT GATTTAGATA 60  
 CAGAAAGCTT ATTAGGCTTT AAAACAATTA AAACAAATGC GGAAGGTCAA CAAGAAATTG 120  
 TCTTTGTAGA TGGTCCAGTT ATTAAAGCTA TGAAAGAGGG GCATATTTTA TATATTGATG 180  
 10 AAATAAATAT GGCTAAACCT GAAACATTGC CTGTATTAAA TGGGGTCTTA GATTATCGTC 240  
 GTCAAATTAC GAATCCATAC ACTGGTGAAG TAATCAAAGC TGTACCAGGA TTTAACGTTA 300  
 TAGCAGCGAT AAATGAAGGT TATGTTGGtA CTTTGCCAAT GAATGAAGCA CTAAAAAaT 360  
 15 CGCyTTGTTG TtATTACAGT kGATTATaTT GATGGGGaCA TTTAAAAAAT GTGAnTAAGG 420  
 AGCAAGGTTT ATTACAAGAT GTTAA 445

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 702:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 752 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 702:

30 TGCAAGATAA ACAAATTTGT CATTGTTTTG GTTGTA AAAA AGGTGGCAAT GTTTTTCAAT 60  
 TTA CTCAAGA AATTAAAGAC ATATCATTTG TTGAAGCGGT TAAAGAATTA GGTGATAGAs 120  
 TTAATGTTGC TGTAGATATT GAGGCAACAC AATCTAACTC AAATGTTCAA ATTGCTTCKG 180  
 35 AyGATTTACA AATGATTGAA ATGCATGAGT TAATACAAGA ATTTTATTAT TACGCTTTAA 240  
 CAAAGACAGT CGAAGGCGAA CAAGCATTAA CGTACTTACA AGAACGTGGT TTTACAGATG 300  
 CGCTTATTAA AGAGCGAGGC ATTGGCTTTG CACCCGATAG CTCACATTTT TGTCATGATT 360  
 40 TTCTTCAAAA AAAGGGTTAC GATATTGAAT TAGCATATGA AGCCGGATTA TTATCACGTA 420  
 ACGAAGAAAA TTTCAGTTAT TACGATAGAT TTCGAAATCG TATTATGTTT CCTTTGAAAA 480  
 ATGCGCAAGG AAGAATTGTT GGATATTCAG GTCGAACATA TACCGGTCAA GAACCAAAT 540  
 45 ACTTAAATAG TCCTGAAACA CCTATCTTTC AAAAAAGAAA GTTGTTATAC AACTTAGATA 600  
 AAGCGGTAA ATCAATTAGA AAATTAGATG AAATCGTaTT ACTAGAAGGT TTTATGGATG 660  
 TTATAAAATC TGATACTGCT GGCTTGAAAA ACOTTGTTGC AACAATGGGT ACACAGTTGT 720  
 50 CAGATGAACA TATTACTTTT ATACGAAAGT TA 752

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 830 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 703:

10 nCGTTTTTGT nAAACnGCTT ATATGTATAA CTTTTCCCAA TTTATCATAA GTTTTGATAG 60  
 AAGGAGTTGG ATCGCTAAAG AAAATATCTC TAAAGATATC ATCTTCAATG ATAGGAATAT 120  
 15 TATGTCtTTC GctATAAGTA ATTATATTTT TCTTTTGCTC ATTCGTTAAA GAACGACCTG 180  
 TCGGGTTATT AAACCTAGGT TCTATATAAA TCGCTTTATT TTTAAAATTA ATAAATCTAT 240  
 CAATGATGGT ATCAATTTCA TTAATTTGAT TATAAGGAAC ATCAATATGT CTAAAATTCA 300  
 20 ATTGCTCAAA AACATTTGTA GAGTGAATAT ATGATGGTGT ATTCGAAATT ATTATGGCAT 360  
 CTTGACCTAA AAACCCAATA GATAAAAGTT GAATGGCATG TAAAGCGCCT GAAGTGATCA 420  
 TTACATTTTC TCTACCTACA TTTATACCTT GCTTTGACAT TCGTTCAACG ATAATATCTC 480  
 25 TTAAC TTGAT ATAACCATAG CCATTATTAT AACCAAAAGA TAAGTCTTCA ATATGACTGG 540  
 CTGTATTAGA CATGGCTTTT TTCAATTGAA TATGTGGCAT TAACGATATA CCAATTACAC 600  
 CTTTACTTAT ATGTATATAC GAATCATCTG TCTCAATTTT ATTAATTAAT TGCACCGTAT 660  
 30 ACTGACTTCT TTGTTGAGAG GACCATAACA TCATTTTCAGA CCACTTATTT GTAATATGTG 720  
 CTTCAATCAA ATAGTCATTA ACATATGkTC CACTACCTAC TTTAGTATAG ATAAATCCTT 780  
 CAGCTTCTAA TAACTCAATA CTTTAAATAA TCGTTACTCT ATTTACGTTG 830

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 704:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 659 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 704:

45 AGTGGTGTTG GAAAAGCTAT TATGAAATTA TTACGTGAAC AACAAGTTTA ATAAAAAAG 60  
 AGGGGTCAAA TATGAAAGGA TTAATTATTA TTGGCAGTGC ACAAGTGAAT TCACATACAA 120  
 50 GTGCACTAGC AAGATACTTA ACTGAGCATT TTA AACACA TGATATTGAA GCGGAAATAT 180  
 TCGATTTAGC AGAAAAACCG TTAAATCAAT TAGATTTTTC AGGAACAACA CCGTCTATTG 240

TATTAGGAAC GCCAACTAT CATGGTTCAT ATTCTGGAAT ATTGAAAAAT GCATTAGATC 360  
 ATCTAAATAT GGATTATTTT AAAATGAAAC CTGTAGGCTT AATAGGAAAT AGTGGTGGTA 420  
 5 TTGTTAGTTC AGAGCCATTG TCACATTTAA GAGTAATCGT CAGAAGTTTA CTAGGCATTG 480  
 CTGTACCAAC TCAAATAGCA ACACATGATT CTGATTTTGC TAAAAATGAA GATGGTTCAT 540  
 ATTACTTAAA TGATAGTGAA TTCCAATTAC GAGCAAGATT ATTTGTCGAT CAAATTGTAT 600  
 10 CTTTGTGAA TAATAGTCCA TATGAACATT TAAATAATA TTAAnAAATA TGTAAATnT 659

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 705:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 705:

nCACCATATA GTAACGGCA CCAACTACAT TACCGTCTTT TAAAAAGATT TTTTATAGT 60  
 25 TATTATCAAC ACTATTAAAT ATTTCAATAC CTTTAATTTT TGCATTTTCT ACAATTGAC 120  
 CAGCACTATA CAAGTCACAC CCAGAACTT TTAATGACGT AAATGTTGTT GATCCCTTGT 180  
 ATCCGTTTCGT TTCTTTATTT GTTAAATGAT CAGCTAATAC TTTACCTTGT TCATATAGTG 240  
 30 GTGCAACGAG TCCATAAACT TGCCGTTAT GTCTGCACAT TCACCAACTG CATATACATT 300  
 GCTATCACTT GTTTGCATCA CATCATTGAC AACAATACCA CGATTACATC TAGACCTGAT 360  
 CTTGGCACTC CTGGGAAGGC GGAACCACTG CATACAACTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 706:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 380 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 706:

TTAAAAATAC AGCTACAGGT AATTTTAATG ATTTTTCATC AATATCAAAT TTGGGATTAT 60  
 GGTGTGGCGC TGTAATACCT TTAACCACTC AGAAAGAATG CACCTGGTCG TACTTTCAAA 120  
 50 TAATGTGAAA AATCTTCTCC AATCATCATT AAATCTGATT CATTAAAGCG TACATGTAAG 180  
 TCATTTGTTG CTTCTTTAAT AACTTGATA TGCTTTCTCG TTTATTATGG ACAGGCAAAT 240

GCTTAATCCA TTTTGTCCAT ACATGATTCT GTATATCTGA AATCGAAAGT TCTnACTGTA 360  
 CCTTTACAAA ATGCCTTGnn 380

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 707:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 707:

CAnAAAGGAT CAAAGTGATC GGTATAGTGA TAATTAGCTC CAAAGAAAGA ATATTCTAAA 60  
 TCAAATCCAT ACCAAGCAGA AAGTATTAGC GAATATCAAT TTAAATGGTA CCGATTCAAA 120  
 TAAAGAAACA CGACATATAG AATTTTACT TGATGATTTT AGTGAATCAT ATGAACCAGG 180  
 AGATTGTATA GTAGCATTAC CGCAAAACGA CCCTGAATTG GTTGAAAAAC TAATATCCAT 240  
 GTTAGGTTGG GATCCGCAAT CTCCGGTGCC AATTAATGAT CATGGTGATA CAGTTCCTAT 300  
 TGTGAAGCA CTAACATCAC ATTTGAATT TACTAAATTA ACATTGCCAT TATTGAAAAA 360  
 TGCAGATATC TATTTTGACA ATGAAGAATT ATCTGAnCGT 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 708:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 447 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 708:

TAATGCTGGT ACGGGTCATG CAGCATTATG TGAGTTGAAC TACACAGTTT TACAACCTGA 60  
 TGGTTCTATC GACATCGAAA AAGCGAAAGT GATTAACGAA GAGTTTGAGA TTTCAAAACA 120  
 ATTCTGGGGT CACTTAGTGA AAAGCGGTAG CATCGAGAAC CCAAGAGAAT TTATCAATCC 180  
 ATTACCACAC ATCAGTTATG TTAGAGGTAA AAACAATGTT AAATTCTTAA AAGATCGTTA 240  
 CGAAGCGATG AAAGCTTTCC CTATGTTTGA TAATATCGAA TATACTGAAG ACATCGAAGT 300  
 AATGAAAAAA TGGATTCCAT TGATGATGAA AGGCCGTGAA GATAACCCTG GTATCATGGc 360  
 GGCAAGTAAA ATTGACGArG GTmCAGATGt AAmCTyCGGT GAATTAACAC GTAAAATGGC 420  
 TAAAGCATT GAAGCACATC CAAATGC 447

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1448 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 709:

10	GTGTCTACCT GTTTTGTG TTCAATTGTT AACTTTTCTT TTTGAATAGT AGTATTCGAT	60
	AATTCTTTAT CGCTTATAAA ATCATCTAGT GGATGGCTTT CTTTGAAACT TTTATTTTCA	120
15	GTCATCAATC ATCTCTCCAA TAGTTGCTAT TTTACATCAA TCTTGATGAT GTTTTTGATG	180
	TAACTTATTT AATTCCATT CAATATCTAA ACGTTCATAA TCATCTTCGT TGAGACGCTT	240
	TAAATCAGCG ATTAATGTTT GTTTGACCTC ATCCAAAGTA ATTCGTGTTT GTTCTAACTT	300
20	TTGCTGTTCA TTAATGATT TTTTGGGCAT TTTTGCTAGA CGTGTATATG CATCAACCAA	360
	ATTTAAAGCA TTATCAATAT GAGAATAAAA AAAGCCTTCA ACTTTATAAA ATGATGCAGG	420
	TCTCTGTCTA ACTGTCGTAT AAATAGAACG TGAAATTTGG TATATATCAT TAATCTGCCT	480
25	AAAATCTTTA ATTGATCTTA TATTGACATA CGTTTTTAAA ATACCTCTAA GTTTTTGGTG	540
	TGTATGATTT AACTGATTTT GAATATAGCG ATAGTCTTTT CTAGTCAAAC CAATTTCTGT	600
	TAAATATTTG CGTGAAGTGA GTTTTTGTAT CGGTAGGTAT GTCATTAAAA AGCCAACAAT	660
30	ACCAATAGAC ATATCAATTA AAAAAGATAC ATCAAGTGCA ATCATCCCAA ATATGCTTGT	720
	TAAAAACGCT ACAGGAATTC CCACTAACAC CCCAAATATA TGAGAAATAT TATATCTCAC	780
35	TGTCATCTTC CTTTATTTAG CATTTTATAT TGATCGAAAA TCCGATAATT TTTGATTGAG	840
	TTCTAACTCT TCAAGTTGAT GGCTTGTTAC ATTTGATGCT GGTGAGGCAC CTTCAATTAC	900
	ACCTTGAATA AATCTCTCTA TATCTGCGTC ATCCCCTTGT GCATATATCT CTACATAGTC	960
40	ATCTACATTT TGAACAGTAC CGACAATGTT ATAGTTCATT GCAATGCGTT GTGTAAAATA	1020
	TCTAAATCCG ACGCCTTGAA CGCGTCCGAA TACTTGTAAG TGTATATGtC TCaTTTTTAC	1080
	CACCTCATAA TGTTATTATA CGTAGTTTTA CTTAAAAAAA CTAATAATTA CTATAGTTAC	1140
45	TACTTTGTTT GTTTCAAGTC GTCAAAGTTG ATTTTCAGAG GATAAAGGTA TAAAAATAAG	1200
	TATAGAGTTT TTGAAGTATG GAAGGGGTCT TTAATAATGT GGACAGTTAC CAAAATTAGA	1260
	GCCGATTATG AGGGATGGTG GTTATTCAGT GACTGGCCAG AAAACATTGT TGAAAAATAT	1320
50	CAATATCAAG ATTTTGATGA CATGTTTAAG CACTATCAAC AATTGATTAA TCAATGTAAA	1380
	GTTTCAGTTCG ATAACATATGT CACAGGCAAA TATAATATTT ATGCATTTTA TAATAATTGT	1440

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 710:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 519 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 710:

GCTGnAAAAT ATGTTAGAAG CAGATGCATG GGCAAAGCTG GGGTCCTTAT TTATTGTCAG 60  
 GTAAAGATGT CTTCAATTCA ACTATTGGAA TATATGGTAT GGGAGATATT GGTAAAGCTT 120  
 TTGCAAGAAG GTTGCAAGGG TTAAATACTA ATATTCTTTA TCATAATCGA TCAAGACATA 180  
 AAGATGCAGA GCGCGACTTT AATGCAACAT ATGTTTCTTT TGAAACGTTG TTAGCAGAAA 240  
 GTGATTTTAT CATCTGTACA GCGCCACTTA CAAAGAAAC ACATCATAAA TTTAATGCTG 300  
 AAGCATTTGA ACAAATGAAA AATGATGCAA TTTTATTATA TATCGGTAGA GGACAAATTG 360  
 TAGATGAAAC AGCATTAAATC GATGCACTAG ACAATAAAGA AATTTTAGCA TGTGGTTTAG 420  
 ATGTATTAGC AAATGaACCG ATTGATCaTA CACATCCATT aATGGGaCGT GaTAATGtTC 480  
 TGaTTaCACC aCACATTGGG TAGGCGCATT CAGTTAACh 519

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 711:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1349 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 711:

CTATTACAGG TGGCGAACCA ATGTTTTCTA AAAAGTCTAT TAGAAATGTT GTTAAACCTC 60  
 TATTAAAGTA TGCACATCAT CGAGGTATAT ATACACAAAT GAATTCAAAC CTAACATTGC 120  
 CTCAGATCG TTATTTAGAT ATTGCTGAAT ATATCGATGT TATGCATATC TCACACAAC 180  
 GGGGAACAAC TGATGAATTC GCAAATGTTG GCTTTGGCGC AATGAAGAAG CAACCACCGT 240  
 TAAAAGCTAA GTTAAATTA TATGAACAAA TGATTTCGAA TGCACGTACA TTATCAGAAC 300  
 AAGGAATGTT TGTATCTGCG GAAACAATGC TCAATCAAAG TACGCTACCA CATTTACGAA 360  
 AAATACATCA AGAAGTCGTT CATGATATGA AATGTAGCAG ACACGAGATT CACCCTATGT 420  
 ATCCAGCTGA CTTTGCAAGT CAATTAAATG TGTAACTCT AGCGGAAATG AAAAAGACAA 480

TGTTCATG CTAAAGGAT GATGAAGATC AAAAGTTACT ATCACGTTTA AGAAATGCTA 600  
 AAAATGTAAC GACTAGAAAT GACCCGGATG GCCGTAGTCG TTAAATGTC AATGTATTTA 660  
 5 CAGGTAATGT AATCGTAACT GATTTCGGAG ATGAAACAGG TACAATTTTCG AATATACAAA 720  
 AAGATAAATT AACAGATGTA TTTGATAAAT GGTATCCTC TGATCTTGCT AAATCATTAA 780  
 ATTGTCATTG TTCCGAGTTT AGTTGTTTAG GGCCAAATGT TCTTGTTAAA AATATGTACT 840  
 10 ATCCGAATAT GGATTTTAAA GATAATGAGC GTCATATGCA CAAACAACCA CAAATTATAC 900  
 AATTTTAAAA ACTCTTAATT ATGCGGAGAA GCACTTTATC GATAAGTAGT CTCCGCATAT 960  
 15 TTTAATGCTA TTATAAATA AAAACAATT AATTGCTGGC AGTACTCTAC TTAAATAATA 1020  
 AAGGGCATT TATAGGACTA ATAGTCTATA ATAAAAGGGG TAAATTTTAA CTAAAAGCAT 1080  
 AAACGTGCAT AATCAAAAAG ACAGATTGTA GGTGGAATAT TCGAaCATAA CAGTTCAATT 1140  
 20 CATCCTTAAC AATCTGTCTT TATATTTTAA GTCTCTAATA TGTTGCACTT GAGCTAAATA 1200  
 TTCAATTGTT gTTTACTTtC AaTGCGaCGt GCTTtCtC GTtCaCaCG TgwGGTGCTG 1260  
 TATCATAAAA CCATTTTTCa ACATCATCTT CTGGATATAC ACCAGGTACA TGTTTAGGTT 1320  
 25 GCCTTCATCA TCTAACGCAa CAAATGTAA 1349

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 712:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 30 (A) LENGTH: 377 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 712:

GAAATTAAAA AAGCAATTGG ACAAGATGCA ACAGTGTCTAT TGTTTGATGA ATTTGATAAA 60  
 40 AAATTATACA CTTACGGCGA TAACTGGGGT CGTGGTGGAG AAGTATTATA TCAAGCATT 120  
 GGTTTGAAAA TGCAACCAGA ACAACAAAAG TTAAGTGCCA AAAaCAGGTn GGCCTGAATG 180  
 GAACCAGGAG GAaTTGAAA ATATGCTGGG GATTACATTG TGAGTACAAG TGAAGGTAAA 240  
 45 CCTACACCAG GATACGAATC AACAAACATG TGGAAGAATT TGAAAGCTAC TAAAGAAGGA 300  
 CATATTGTTA AAGTTGATGC TGGTACATAC TGGTACAACG TCCTTATACA TTAGATTTCa 360  
 TGGGTAAAGA TTAAAA 377

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 713:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 55 (A) LENGTH: 528 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 713:

	AATGAAnCGA AAAATGACTA TAAAAAGTTT AAAGTGTTTT CACTTATTTT AACACTTGTC	60
10	ATTGTCATTT TAGCAATTAT AAGATTGTGTT CATAAAATGA TGTAATTAGA GTGAGACATT	120
	GTTTTATGTC TCAGGATCCA GTTATTCATT ATATCTACAA TATTTACGAT TATATAAATA	180
	ACCCGAGATT TTAGTATGAT TCATTtCACT AAAATCTCGG GTTTCTATTT GATAATTTTT	240
15	AATGGGATAT GGCATGTATA CGTTCCTGCC TTTTATCTCA TTTCCAATGA TTAATCTGGA	300
	TATTGTTCTA AAAATGCTTT CGCTTCTTTA TTAAGTGTGTT TAAAATCAAT ACCTTGTTGC	360
	ATCGCTGCAA AGACACATCC ACAATAACAC TGCCTAAAGA TATTATAGTC ATTACACATT	420
20	TCTATGGaAC GCTCATAACC TTTACTTTTC yTAAATCAC TTGGcAAATA GTTCACaTCG	480
	TATATTTTTT GGACATCCAT ACCAAGTTCA TTGATTAATT GTGCGTTC	528

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 714:

25

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 731 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 714:

35	TTTAATGGCA TGAAGTCACA GTATATAAAG AATCTGGTGT GACAATCAGT ATGACTAAGT	60
	ATATAAAAAA AGAGCAGGTG cGAAATAATG GCGAAAGAGT CGAAATCAGC TAATGAAATT	120
	TCACCTGAGC AAATTAACCA ATGGATTAAA GAACACCAAG AAAATAAGAA TACAGATGCA	180
40	CAGGATAAGT TAGTTAAACA TTACCAAAAA CTAATTGAGT CATTGGCATA TAAATATTCT	240
	AAAGGACAAT CACATCACGA AGATTtAGTT CAAGTTGGTA TGGTTGGTTT AATAGGTGCC	300
	ATAAATAGAT TCGATATGTC CTTTGAACGG AAGTTTGAAG CCTTTTTAGT ACCTACTGTA	360
45	ATCGGTGAAA TCAAAAGATA TCTACGAGAT AAAACTTGGA GTGTACATGT TCCGAGACGT	420
	ATTAAAGAAA TTGGGCCAAG AATCAAAAAA GTGAGCGATG AACTAACCGC TGaATTaGaG	480
	cGTTcACyTT CTATcAGTGA AATAGCTGAT CGATTAGAAG TCTCAGAAGA AGAAGTGTTA	540
50	GAAGCAATGG AAATGGGACA AAGTTATAAT GCGTTAAGTG TTGATCATTG CATTGAAGCT	600
	GATAAAGATG GTTCAACTGT TACGCTATTA GATATTATGG GGCAACAAGA TGACChTTAT	660

55

CGAGAAATCA T

731

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 715:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 830 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 715:

15	TTTtAGrGGa AAGCGaATTA GtCaTATwCg CaGCAGATwG aATGATTGaA AAmGaAATTG	60
	aTTCGATTCC AATTGTAAGA AAAAAAGATA ATCAAAAGTA TGAAGTAATT GGAAGAATTT	120
	CCAAAACAAC AATAGCTAAG TTATTAGTAG CATTATATAA AGAATAGGTG AGAAGTAATG	180
20	GAAAAAATTA AAATTATCGT AGCTTCAGAT TCTATAGGTG AAACGGCAGA GTTAGTTGCT	240
	AGGGCAGGTA TTTCACAATT CAATCCTAAG CAATGTAAAA ATGAATTATT AAGATATCCA	300
	TATATTGAAT CTTTTGAAGA TGTTGATGAA GTGATTCAAG TTGCAAAAGA TACAAATGCT	360
25	ATCATTGTTT ATACACTTAT TAAACCTGAA ATGAAGCAAT ATATGAGTGA GAAAGTAGCA	420
	GAATTCCAAT TGAAGTCTGT CGATATCATG GGGCCATTAA TGGATTTATT ATCTGCTTCG	480
	GTTGAAGAAA AACCTTATAA TGAGCCAGGT ATCGTTCATA GATTAGATGA TGCATATTTT	540
30	AAGAAAATTG ATGCGATAGA GTTTCAGTT AAATATGATG ATGGTAAAGA TCCTAAAGGA	600
	TTACCTAAAG CTGATATTGT TTTACTTGGT ATTTTCGAGAA CTTCAAAGAC ACCATTATCT	660
	CAGTATTTAG CGCATAAGAG TTACAAAGTT ATGAATGTAC CGATTGTACC AGAAaGTGAC	720
35	ACCGCCAGAT GGCTTATATg GATATTAATC CAAAGAAATG TATCGCACTT AAAATAAGTG	780
	AAGAnAAATT AAATCGCATT AGAnAAGAGC GACTAAACA ATTAnGACTA	830

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 716:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1159 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 716:

50	nGAAGAACAA GTTTAnCATC TAAATGCCCG TTAAAACTA CAACTACTTG ACGATGTAA	60
	ATCAGTGTTT AAnTCTCAAA TGACGCAAAA TAGTGATTTT AATGAAGAAA AGAAAGTGTC	120

	AGAACGTATA AAAAAATACT TTAATAAGCA ACTCACTGAG CAAATTGCAC CAATCGTTCA	240
	ACAATTAGCA GATTTACATG TCATTATTAA TCCTCAGTTT AACTTTGAAT CAGCTAATAT	300
5	AGAGCAACCA TTATTGCACA TCGATTTCAA CGATATGCTA AATGCATTGC CTAAACAATT	360
	AACAAAACGT AAAATTTTGA ATCCAAATGG GCAAAGAGAT ATACATGAAT CAATTTGTCA	420
	AAGTACGTTA GGATTATTAC AACCACAAAT GGGATTATTG AGGCAACAGC TTGAATTATA	480
10	TGTAAAGCAA ATGGCTGTAG AAGCTGAATC GCAATTTGAA AGTTTTGAAG CTAATATTCA	540
	AACGCAAATA AACGATTTAT TAGCATTTGA TTTAGATACA ACACCTTATCA ATCAATTGAA	600
	AGATAAACAT CAACAACCTGA AAACCTATTTT ATATTAAGAA AGAAGGAACG TTTTAAATGC	660
15	CTAATAAAAT ATTACTTGTA GATGGTATGG CGCTATTATT TAGACATTC TATGCTACAA	720
	GTCTTCATAA ACAATTTATG TACAATTCAC AAGGTGAACC TACAAATGGA ATACAAGGAT	780
20	TTGTGCGTCA TATCTTTTCG GCAATACATG AAATACGCCC TACACATGTA GCTGTATGTT	840
	GGGATATGGG ACAATCAACT TTTAGAAATG ATATGTTTGA tGGTTATAAG CAAAACGTT	900
	CTGCACCACC AGAAGAATTG ATACCACAAT TTGATTATGT TAAAGAAATT TCAGAGCAAT	960
25	TTGGCTTTGT AAATATTGGC GTTAAAAACT ATGAAGCGGA TGATGTTATA GGTACATTAG	1020
	CACAACAATA TTCAACTGAT AACGATGTCT ATATTATTAC GGGCGACAAA GATTTACTGC	1080
	AATGTATTAA TGACAATGTT GAAGTTGGCT AATTAAAAAA GGTTTAACAT TTATAATAGA	1140
30	TATnCATTAC ATCGTTTTn	1159

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 717:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35	(A) LENGTH: 574 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 717:

	GATTTAATCA ATGCAGTTGC AGAGCAAGCT GATTTAACTA AAAAAGAAGC TGGTTCAGCA	60
45	GTAGATGCTG TATTCGAATC AATCCAAAAC TCACCTGCTA AAGGTGAAAA AGTACAATTA	120
	ATTGGTTTCG GTAACCTTGA GGTACGTGAA CGTGCTGCAC GTAAAGGTCG TAACCCTCAA	180
	ACTGGTAAAG AAATTGATAT CCCAGCAAGT AAAGTTCCAG CATTCAAAGC TGGTAAAGCA	240
50	TTAAAAGATG CTGTAAAATA ATTTTACTTA AAAAGCCCTG AATAAGGGCT TTTTATTTTG	300
	CTTTTAATAC TTACAACCTG TACATAAATT GTAATGTTCT TCTAAGTTTT TAATCTTTGG	360

55

AACTACAAAA TATACATATG aATATTGaGa TTAATTGTTA GCGTTGaATT TACTTAAAAG 480  
 GTAACCATGT CTACTATAGT ATTTTACGTT ATTTAAAAAG ATGAATAATG TAAATGAAGT 540  
 5 AAAGGTTATT ATGAGAATTA CAAAAGCTAC ATAA 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 718:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 493 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 718:

AAGaTATTGA AAmTgmAaTG GaGCACGCCC TTATTTGATA GAAGTAAAAG ACATTTAATT 60  
 20 CTTACCGATG CAGGTCAAAT TTTTATGAG AAAAGTAAAG AAATTGTtGC ACTGTATGAT 120  
 TATTTACCAT CTGAAATGGA ACGCTTGAAT GGA CTGAAA CAGGACATAT AAACATGGGC 180  
 ATGTCGGCAG TCATGAATAT GAAGATTCTT ATCAATATTC TTGGTGCATT CCATCAACAA 240  
 25 TATCCAAATG TTACATATAA TTTGATAGAA AATGGCGGTA AAACAATTGA ACAGCAAATT 300  
 ATCAATGATG AAGTAGATAT AGGCGTGACC ACTTTGCCAG TCGATCATCA TATTTTCGAT 360  
 TATACTACCC TAGATAAGGA AGATTTGCGA CTTATCGTGA GCAGAGAGCA TCGACTCGCA 420  
 30 AAATATGAAA CTGTTAAACT CGAAGATTTA GCAGGTGAAG ACTTCATTTT ATTTAATAAA 480  
 GACTTTTACT TGA 493

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 719:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1257 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 719:

GCATTGCCAA AACAATACGT TTATATTATT GAGGAACTAC TGTATAAAAG TAATGAATAT 60  
 45 CAAAATAAAA AATCATATTA CGAAACACTT GTTAACCAAG TAATTGAACT TAAACAGGCA 120  
 GATGATTAA TTATTGGACT CGCTTATTCC GTACAACGCT TAGTCGTGCA TCATTTACAC 180  
 50 GTTGTCGGTG ATATTTATGA TCGTGGACCA CAACCAGATA AAATTATGGA TACTACTGATT 240  
 AATTATCATT CCCTAGATAT TCAATGGGGT AATCATGATG TGCTTTGGGT TGGAGCCTAT 300

GATATTATCG AAGACGCTTA TGGCATTAAAT TTAAGACCAC TGCTTACTTT AGCTGAAAAA 420  
 TACTATGACG CAGATAATCC TGCTTTTAAAG CCTAAAAAAA GACCTGACAA ACACGAACGT 480  
 5 TTAACTCAAC GTGAAGAAAG TCAAATTACT AAAATTCATC AAGCTATTGC GATGATTCAA 540  
 TTCAAGTTAG AAATACCAAT TATTAAACGT CGTCCAAATT TCGAAATGGA AGAACGTCTT 600  
 GTGCTTGAAA AGGTTAATTA TGATACAAAT GAAATTACAG TTTATGGTAA TACATACCCA 660  
 10 TTGAAAGACA CATGTTTCCA AACTGTCAAT CGTGATAATC CAGCAGAATT ACTACCTGAA 720  
 GAAGAAGAAG TCATGAATAA ACTATTATTG TCATTCCAAC AATCTGAAAA ATTACGTCGT 780  
 CATATGTCTT TCTTGATGCG TAAAGGCTCT CTTTACTTAC CATATAATGG CAATTTACTC 840  
 15 ATTCATGGTT GTATTCCAGT TGATGAAAAT GGTGAGATGG AATCATTTGA AATTGATGGT 900  
 CATACTTACA GCGGCCAAGA ATTATTAGAT GTGTTTGAGT ATCATGTCCG TAAATCATTT 960  
 20 GATGAAAAAG AAAATACTGA TGACTTATCG ACGGATTTAG TTTGGTATTT ATGGACTGGG 1020  
 AAATATTCGT CACTATTTGG TAAACGTGCC ATGACTACGT TTGAGCGATA CTTTATTGCA 1080  
 GATAAAGCTT CTCATAAAGA AGAAAAGAAT CCGTACTATC aTCTTCGTGA AGATGTGaAT 1140  
 25 ATGGkTCGTA AAATGCTCaG TGaTTTCGGA TTAAATCCAG ATGAAGGACG CATTATTAAT 1200  
 GGTCACACAC CAGTGAAAGA AATCAATGGC GAGATCCTAT CAAGGCTGAT GGAAAGA 1257

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 720:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 720:

40 TGAGCACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTAAAT TCACTTTGTA AAAATCCAAT 60  
 TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA 120  
 AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAAGC TAAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG 180  
 45 TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA 240  
 TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA 300  
 TCATTAGAT GAAGTTGAGG CACTTGCAGA TGGTTATCAA GTTAATTGGG CCAGGThCCC 360  
 50 TTTThTTCAA CAGTTTTTGG GGGCCAACCA TGGGCTTATA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 721:

(A) LENGTH: 570 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 721:

10	CTTATTTATA TTATAATATA AATATTTTAT TTTTCAATAC TTAATTTTAA AAATCCCCTA	60
	TGAAAATGTT GATGAGCTAC ATCTTTAAAT CTTATTATAC ATTGTATAAA ATTATATTGC	120
	GAGGTAGTAA ATTGATATTA TACACTTTTG GTTGTGTATG CATCTCACCT ATCTTTTTTG	180
15	CTTTTTTCAA ATAAGAAAGT ATTAAAAATy AATGCCTATA CAGGAACAGA CATGGCTAAA	240
	CTTGATTTAA ATAGTCTTGA CGACGAGCAC GTAAAATTAT TAATAAATGA ATTAAAATAT	300
	CCAGAACTC ATATCGATGT AAATGAATTA AAAACAATAG TTGCTAGTCG AATAAATGAA	360
20	AGGCAAGAAA TAATAAGTTT TAAGTTAGGA ATAAAGTACT TATTAACAAT AAAAAGAGGG	420
	AACATAGAAA AAGATAGGTT TTCAATTTCA ATCATTTC AAGATACCTA TCACACCCTA	480
25	GTTAGAATAG ATATTACGG TGGTACTCAC GATAATCCAG ATGGAACAAT CGCTCCGAAA	540
	AGTCATATTC ACATATATAA TGATAAGTAT	570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 722:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 722:

40	ATTTTAGTCT TAGGTGTTGA TTGCATGATG AATGCAGAAG TTATACCTGC AGCCATATTA	60
	GCACCTTCAT TATTGTGTAT AATTGAATA TTATTTGCTT TTAAAGTATG TCCAATTAAG	120
	TTTGAAGTCG TTGTTTTACC ATTTGTTCCA CTGATAAATA CAATATCATC AACTTGCTCT	180
45	GCTAATTTTC TTAATATATC TGTATCCACT TTTCTAGCGA TTTGTCCAGG TAAATCTGTT	240
	CCTCTTTTAC CTACTGCTCT ACTTGCTTTA CGCGCCAATT TCGCTAGATG GATTGCCGTC	300
	CACTGTCTCA TGTGTTTCCT CctCAAATt CCACTCGCAT CATTATAACA TGACAAGGCA	360
50	ACTTCAAAAA AGTTTCTCAA TCACAAATnG ATACCAGTGT	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 723:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1113 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 723:

	GATTATATGC TGTGGCAAA ACAATATACC CAGATGAATT TTTATTTTTA GTAATAGTAT	60
10	AACCATGCTT TGTCTTACTA ACTTTGACAG CTTCTAATGA ATTTGAAGCG TCTTTAAGCG	120
	TGGTATAATC TTCGCCGTAT ATCCCTTTTA AATTTACTCG ATACTTACCT TTAGGCAATG	180
	ATAATCTAAT TCTATCTGGA GCTTTAATGC GTATCGTTAC GGGTGTTACA ACGCGTCGAT	240
15	ATTTATAAGT GAGTTTATTT CTTTCTTGTG TATATTCATT CACTTTAACA TCATGAGCTT	300
	TATCCGGCGA AAGTAATTCT AAATCCATTT CAAAATACAA ATCTTTAAAT TGATTAGAAA	360
	CTGATTTTGG CAACTGTACA GTTAGACCAC CATTATTTTG TTAACTTGT AATAAATGTT	420
20	TTGTAGGAGA TTGCCAGGCT GCACTATTTA ATTTAATTGT TGAATCTGAT AGTAAATTTT	480
	TATTGGCTTT AAAATGTGTA TTAACATCTT TAATATTGTT AGAAACAATC CCTTGCAACA	540
	TTGCTTGTTT TTTATCTAAT GGAGATTTTA ATTCTTTATT GGAAAAGACC TTATTTGTAA	600
25	TATGTGCACT TGGATAATGG ATGGTATTTT TAGAATGAAT CCAACGAACT TTATTGTCTT	660
	TGTGTTTCTA CTTAATTTTA AATCCATATG GtAAGTTGTC ATCATGATtC ACTCTAATTC	720
30	GATCATTAAC ATTCCAAAGT GATAGTaAAT TTgACGATgC CAAGTAATCT ATAAGTGCTG	780
	TTTTTATCGA TTGGCATATT AATTTGGAGT GTCTTGTCAT AATATTTTAA AATGTCTCCA	840
	TTAAAAATAC TAGAATATAA TGAAATGCCA TTATAATGAT ATATAAATGG TGAATTTAAT	900
35	GCATAGTCTG ACATATAATC AATGCGATTA AATGAGCCTG TTGCATTTTG ATTTATCTTT	960
	TTTATAAGCT GGTTTACATA GTTACTATGG TAATCATGTT GTTTCAACGT TGATAATGAT	1020
	TGTTGATAAG GTTTGATTGC CATGTTTTTG TTGTTATCTA AAATGACGAT TTGTTGAATC	1080
40	ATaACGATTA ATACTAATAT TGCAACGGTT AAT	1113

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 724:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45	(A) LENGTH: 464 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 724:

	TGCCGTTTAG CAAAATCTAG TATCGCTTGA TGATCAGATT CTGAAATTTT AGTGTGTACT	60
--	---	----

55

GATTGATTAA GTTTATATGC AAGTGCATGT TCTCGTCCAC CAGCACCAAT TACTAATACA 180  
 TTCATTTATG TTACGCCCCCT TTAAAATTAG TGTTTAAAT GTCGAGTGCC TGTGACTACC 240  
 5 ATTGCAATAC CATGTTTATT AGCCATATCA ATTGAATCTT GATCTTTAAT CGAACCACCC 300  
 GGTGGATAA TTGCCTTTAT ACCATGTTGT GCTGCAAGTT CAACTGTATC TCCCATAGGG 360  
 AAAAATCCAT CAGATACTAA CGGCTACATG ATCATTGATT TCAATAGCTC TCTCTAACGC 420  
 10 AATTTTAGCA GCACCGACAC GATTCATTGG CCAGCAnCTA TACC 464

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 725:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1440 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 725:

GTAAATnCA nTATTTnAAA TaTATTACCT TATTAGAAAA AGTCGTAATA TGAGGTGTAC 60  
 25 AAATGACGCA AATTTTAATA GTAGAAGATG AACAAAACCTT AGCAAGATTT CTTGAATTGG 120  
 AACTCACACA TGAAAATTAC AATGTGGACA CAGAGTATGA TGGACAAGAC GGTTTAGATA 180  
 AAGCGCTTAG CCATTACTAT GATTTAATCA TATTAGATTT AATGTTGCCG TCAATTAATG 240  
 30 GCTTAGAAAT TTGTCGCAAA ATTAGACAAC AACAACTCTAC ACCTATCATT ATAATTACAG 300  
 CGAAAAGTGA TACGTATGAC AAAGTTGCTG GGCTTGATTA CGGTGCAGAC GATTATATAG 360  
 TTAAGCCGTT TGATATTGAA GAACTTTTAG CAAGAATTCG TGCAATTTTA CGTCGTCAGC 420  
 35 CACAAAAGGA TATTATCGAT GTCAACGGTA TTACAATTGA TAAGAACGCT TTTAAAGTGA 480  
 CGGTAAATGG CGCAGAAATT GAaTTAACAA AAACAGAGTA TGATTTACTA TATCTTCTAG 540  
 40 CTGAAAATAA AAACCATGTT ATGCAACGGG AACAAATTTT AAATCATGTA TGGGGTTATA 600  
 ATAGTGAAGT AGAAACAAAT GTCGTAGATG TTTATATAAG rTATTACGA AACAAAGTTAA 660  
 AACCATACGA TCGTGACAAA ATGATTGAAA CAGTTCGTGG CGTTGGGTAT GTGATACGAT 720  
 45 GACAAAACGT AAATTGCGCA ATAAGTGGAT TATTGTTACC ACGATGATTA CGTTTGTCAC 780  
 GATATTTTTG TTTTGTTTAA TTATTATTTT TTTCTTGAAA GATACACTGC ATAATAGTGA 840  
 GCTTGATGAT GCaGAACGAA GCTCaAGCGA TATTAATAAt TTATTTCaTT CTAAGCCTGT 900  
 50 TAAAgATATA TCTGCaTTAG ACTTGAATGC aTCTTTAgGT AAtTTTCaAG AGATAATTAT 960  
 TTATGATGAG CATAATAATA AATTATTTGA GACATCGAAT GATAACACAG TGAGAGTTGA 1020

ATATTTAATT ATTAAAGAAC CAATTACAAC GCAAGATTTT AAAGGGTATA GCTTGTTAAT 1140  
 TCATTCAC TA GAAAATTATG ATAACATCGT AAAATCATTG TATATCATTG CGCTGGCATT 1200  
 5 TGGAGTGATT GCAACAATTA TAACTGCCAC AATCAGTTAT GTATTTTCAA CACAAATTAC 1260  
 TAAACCGCTT GTCAGTTTAT CAAATAAAAT GATTGAGATT CGACGAGATG GTTTTCAAAA 1320  
 TAAATTGCAA TTAAATACAA ATTATGAAGA AATAGATAAT TTAGCAAATA CGTTTAATGA 1380  
 10 GATGATGAGC CAAATTGAAG AATCATTTAA TCAACAAAGA CAATTTGTTG AAGATGCGTC 1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 726:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 375 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 726:

TGATATTCCG ACTTGCGAGG ATTATTGCGC ATTAAGGATT AACGCAGTAT GAGTCCAAAG 60  
 25 ACGCGCGACA CCTGGAAAAA GGATTACCTA ATGCCTTATT TACAGTAACC TTGTATGATA 120  
 AAGATCGGTT AATTGGTATG GGTAGAGTGA TTGGCGATGG CGGAACTGTT TTTCAAATTG 180  
 TTGATATTGC AGTTTTGAAA AGTTACCAAG GTCAAGGTTA CGGCATCTAA TTATGGAGCA 240  
 30 TATTATGCAA TATATTAAAG GTGTGGCTGT TGAGAGTACA TACGTTATCT GATTGGCAGA 300  
 CTACCCAGCG GGnTAAATTA TATACCAAAT TTGGGTTTnA TACCTACCGA ACCAGAnTCC 360  
 AGGCGGTGAT GTATG 375

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 727:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 471 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 727:

TAAAAAATT AGAGATGAAA ATCATATTAT TTATCTGTTT TTGGGACAAT TTTTACTAA 60  
 AAATGAAGAT CCATGGCATC AAATACTTAA TGATTTAGAA GTTACAAATT CTGTTGATAA 120  
 50 TTTTTTAAAG TCAATAAGTA ATAAGGCCAA AGAAACAAAA AAAAGAGCTT TTATTATTAT 180  
 TGATGCGCTT AATGAAGGTG AAGGTAAAAG GTTATGGGGA AATTATTTTC AAAGCTTTAT 240

AGATGTTATA TTACCCAAAA ACGCAATACA AGATAACAAT ATTGTAGTAT TTCAGCATGA 360  
 AGGTTTTAGT AAGGAAGAAA ACTATAATCC AATTGTATCT TTTTGTGATT TTTATGGATT 420  
 5 AGAGCTACCT AAGTTACCTA TATTAAATCC AGAATTCAAC AATCCATTAT T 471

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 728:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1750 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 728:

TAGGATGTTT CACCCTgGCA ATTGctCTAA GACATctACa GCAGTAGAAT ayCCTGTTTT 60  
 20 CGTctTTTTA ATAACAGGTA ATTGTAATGT CTCAAACAAT ACAACACCTA ATTGCTTAGG 120  
 AGAATTTATA TTAAAATCTT CACCAGCTGC ATCATGGATA TTTGGAATCA AGACGTCTAA 180  
 TTTTCTTGA ATTTCTTTTT CCATTTCTTC TAAATCATGA ACATCTGTAA ATATACCAAT 240  
 25 TTCTTCCATT TCACTTAAAA TCTTAGCTAG CGGTAGCTCT AAATCAGCCA AGAGTTCTAC 300  
 CTGATTGTAT TCTTCTAATT GTTTATCCAT ATTTGGTTTC GCAAAGTAAA TTGCATCAGT 360  
 AATAGAAGCA ACATATGGAT TTAAAACATC ATCTTCAGGT ACCTTAAATT TCTTACCTTT 420  
 30 TCCATATATA CTCACATCGT CTTTCACAAA ACTTTGACCG TACAATGAAA CAACTGATTG 480  
 AACATCACTA ATCGTACGAG ATGGATCAAT TATATAACTG GCCAACATAA TATCGAAAGA 540  
 AATATTTTGA ATATCAATCC CCAATCTATG TGATGCTACA TATGTTTTTT TAGCATCATA 600  
 35 TACGACTTTT TTCGAATTCG GATTTTCTAA CCATGAAACT AGTTCGACAT AATTATTTAT 660  
 GTCATCCGCA TTAATTACAA TATGTTTCTC ACCTGtAAAT aAAGAGAATT TTAAAAtATT 720  
 40 ATttCGCAA TAGtTACCAC CGtCTAATTC GAAATGGATG GCCGCTTCTT TcAATGAAGT 780  
 AAAATCCaAT ATTATCAAAA GACGTTTCCa ATTTCAAATG TCTTtTCTAT TGCATCTTCA 840  
 ACGcTtGCTG ATTGaTCAAT GTCAGCCAAC AATTGTTTGA ATTCTAACTT CTAAACAAT 900  
 45 TCGATTTTTT CTGTGTTGTC ATCTtGakGA GTCATTAACG TATCTTcaAG TTTTACTTca 960  
 ATCGGACTAT CTACATTAAt CGTTGCTAAT TCTTTACTCA TTAATGCATC TTCTTTGCTA 1020  
 TTTTGAAGTT TTTCTTTTAA CTTTTTACCT GAAATTTTCA CTAAATGTTT ATAGACACCT 1080  
 50 TCTACTGTGT CAAATTGGTT TAGCAATTTT ATTGCTGTTT TCTCTCCAAC ACCTGCAACA 1140  
 CCTGGTATAT TATCAGAAGT ATCTCCCAT AATCCTTTCA TATCAATAAT TTGATTAGGT 1200

CCTTTTTTAG TGTAATAAAT GGTACATTA TCCGTTGCAA GTTGTGTTAA ATCTCGGTCT 1320  
 CCCGTAATAA TAATTGTCTG AAAGCCCGCT TTATCTGCTT CTTTACTTAA AGTTCCGATA 1380  
 5 ATATCATCTG CCTCATAGTT ATCTAATTCA TAACGTTTAA TATGATAAGC ATCTAATAAT 1440  
 TGGCGAATAT AAGGAAATTG CTCACCTAGT TCAGGCGGCG TTTTCTGGCG TCCACCTTTA 1500  
 TATTCATAT ATTTTTCATG TCTGAAAGTC GTTTTACCTG CATCAAACGC TACTAAAAAA 1560  
 10 TGATTTGGCT TTTCTTCTTT TAAAATCTTC TCTAGTAACA TTGCAAACC ATATACTGCA 1620  
 TTGGTATGAA TGCCTGCTTT GTTTGATAAC AAAGGTAATG CATAAAAGC TCTAAACTT 1680  
 AAGCTATTAC CATCGaTTAA TACTAATTTA TTCACAATTT TAACCTCCAG AACTAATTTA 1740  
 15 TATATnTGTG 1750

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 729:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 439 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 729:

AAATTAATTT TAACATCCTT TCAAAATAGT TTTAACGGAT CcTCCcAAAA CGTAAACTCA 60  
 30 CATCAGTTAC TTGTAACATG CATTTTCTCC TTTTTCAT TCGATATTCT AACGGAAGAA 120  
 TTATATCATA TTATCGTCAC AGTTTCGACC TCATATAAGT TGTAATGATA GAATGACTCA 180  
 CACATGTTAT AATAATAAAG AATACAAGAA TCGAAGGAGA ATAAACATGG CATTAGACAA 240  
 35 AGATATAGTA GGGTCTATAG AATTCCTTGA AGTAGTAGGG TTACCAAGGT CAACTTACCT 300  
 TTAAAGGAC CAACGGTGAA ACGTAAAGTT AAACCAATCA GAATGAACGT GATGATTGAA 360  
 40 TTAGAAGTAG GGGAGnATAT AGTTCCTCAT TTATCCAACC GGTGAGGTGG ATTATTGCAC 420  
 TCAAATATGC nGnTATACG 439

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 730:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 481 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 730:

AGTTTAGGAT TGATGACAAA GCCATTACGA CCAACAAATC CTAAACCTGC ACGTTCCTGCT 120  
 ACTGCCCTAT CTGATAATAC ACCCGTATCT ACCATAGATT TGATTTCAAC ATCTGGAACT 180  
 5 TTAGATTCAA TAAATGCAGC TAACATGTCT AATCGTTTAC GCATAATTGT ATGATAATCT 240  
 TGACCCACG ATGCTCTAGC AAATAAGCCT CTGCGATCAC CTCTAACACT CTTAGGTGCA 300  
 10 CCTTTCAGTT TGTTAGGATA ACCAACTGCA ATTGCTATGA TTGACCTTGC TGTGTAAG 360  
 GATAATTTAG GCTCCGTTTC TAAAGCAATA TCAGATTCTT CAAaTCCTGA GGCATAACCA 420  
 TTTGCATGAT ATGCTTCTAG CTTTGCTTC AATTCATCAA AGGGnTCGGC AGTAGTAAAT 480  
 15 C 481

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 731:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 828 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 731:

GTGATGAAAA ATCTTTTCT ATTGATTGAG AAAATAGTTA TTTATATAGT TTTTAAAGAA 60  
 AAAAAGTGAT AATATTTAGC TAATCTAATG AAAATTGATT TATTGGACAA AAAATACATT 120  
 30 TTAAATGAGT AGAGGAGGCT GCAAWTGGGT TACAGAACTT TAAAAAGTAT TTTTCATGAA 180  
 CACAATGAAA GTAAAATGAA GGAAGAGTAT ATTAAAAGAT TTAATTCTTT mGCTTCCTTC 240  
 35 AATACTAATA TTAATATCAT ACCTATGGAA AATGGAAAAA AAGTTAATGA TTTGGAATAT 300  
 CCTCTATTCT TTATGGTGAC TAAAAATCTA TCAAAAAAAC AAGAATTAAT ATCAATTAAT 360  
 AGTAGAAAAA TTGATAGAGC ACTTAATTCT TTACCATATG CAGCTAGAGA ACAATATTTT 420  
 40 AATGATTTAT TAATCGATGA ATTACAAAGT ACTAATGAAA TTGAAAATGT ATTTAGTACT 480  
 AAACAAGAGA TTGCACATGC GTTAAATAAC CAAGCATCAG AATTTCTTAA GTTCAGAGGC 540  
 CTCGTGGATC AATATAAAGA GATAGAACTT AATAAAAAAA TTAAAGTTGA TAATGTAAGA 600  
 45 GACATTAGAG CGATTTATGA TAAATTAGTT TCAAATGAAA TTAACGAACA AGATAAGTTA 660  
 GATGGAGAGC TATTTTCGTAA AAATTTTGTC GGTGTGCATG ATGGGTCAAC GAATAAATAT 720  
 ATACATGTTG GGTTACAACC TGAAACCAAA ATTGTTGAAT TTATAGGTGA AATGCTAACA 780  
 50 TTTTAAAT ATTTTGATGC GCCTCAGCCG TTCAAATCA TGGCTAGT 828

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 732:

55

(A) LENGTH: 1622 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 732:

10	CGTATGTTTC GAATTTTATG nATTGCATTG GATAATAGTA CCAGTTAAAA GAACTAAGAT	60
	TGTAATTATC CCCCCTTAAA ATTCAAGAAT ATATTTTCTT AATCTATCAG CAAGAGGTTA	120
	TATTTCAAAG TGTTTATTTT TAAACAACA TCTAAAAGCC ATTTcATAAt AAwGTAAAT	180
15	CaTTAGaATG TATAAGATT CCaATTAATA AAAATAGATA AAATGCAATA AAGTTCCAAA	240
	TACTTATTAT TATTCATCAC AAATTACGTG ATGCCCTCTA CAACACTAAA TCAAGGATGA	300
	TATTTATTTT ATATACATTA GCATTCATTG TTTGCTTACC CACATTATCC TGTTTAGTCT	360
20	TTTTTATAAC TCTAGTCTTG AATGTCATAT TTACAAAGAA AAAAACACTA AAATATTTAA	420
	AACTAACACT ATTTATTCAC TTTGTTCTTT TATAGCACCT TTTATGTTTA TTTTCTTGTA	480
	TTCAATAAAT AGTATGGAGA TGATAATTTA AAGTAGATAT ATTTGAAGTA TACTATAGAG	540
25	TAAATTATAT TGGGGAAATA TGTAACGAA CCGGTTGATT TTATAGTGGA TTAACACTTC	600
	ATAGAGAATA TAATCAAGAA CAAAACAGT CAATAGGTGT GAATTTTTTTT AAAGACGGAT	660
30	CTGTTGCTAC TAAAAAAGA AGTATACAAT TCAATAGTTA AACCTTAAAA CAAGAAATAT	720
	TATTCAAAAT CAATGAATTT CCTATCTTAT TAGTTTTAAC AATATTTATT CTCATAGAGT	780
	TTGTCCAATT AAATATAGAT GATTCAAATA TTTATAAGCA TACAAAAGAG CAGTAAGACA	840
35	TTTTCTAATA GAAAATAACT TTAGTGCTCT TTGTACATTA CTCATCAACT ATTGTAAATT	900
	AAATAATAAA TAACTACCTA TTTTATTATT CAGCTAAAAA ATGCTCTGCT AAATATTTTG	960
	CTGCGCCATC CTCTTCATTC GTGTATGCCG TTACATCTGA AGTTAATGCT TGGATTTTCAG	1020
40	GGCGTGCAAT TTTCATAGCA ACTGTATAAT GACCAAATTC AAACATTGCT CTATCATTGT	1080
	CGCTATCTCC AATAACTAAC GTTTCTTCTT GATGAATACC AAAATGTGCA ATCATTTCCT	1140
	TAATGCCTGT ACCTTTATCA GTTTGATAAG CCATTGTTTC CGCATTAAAT CTTGATGAAT	1200
45	TTGArACACT AATCTGTAGT TGCACATGAT TTTGCTTTAA TTCATCTCTA AATGCTGTTA	1260
	TTTTTTCTAA ATTAGAACTG AATAGATAAA TTTTGAATA TTCACCTTCA GGAAACTTAG	1320
50	TTACCCAATC TATCTTACCA GCAAGCGCAT CTTGTCTTGA AGACCATTCA CTATGACTTA	1380
	CGCCATTAAT AGGATCTTGA CTACGAATCA TATCTCGCAT CCATGTTTCA TCTTCTTTTA	1440
	AAGAACTCT ATTACCTTCA AAAGGAAATA CCTCATAATA AATTTGTTGG CGCTTAGCTA	1500

55

CTACTTCTCC AATTGTTCCA TTGAACTAA TGATGCCATT AACCGCAAAA TCTTGAGGTA 1620  
CA 1622

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 733:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 472 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 733:

AATGCCAnAT AAATCCAAAT TCTTTTAACG AACAGAGTG CCCAAGTTAT TGCTGATCGT 60  
TATGCCAGAT AnGCATATCA ATGATAATTA TGGTTTAGAA AGAATTTCTA AGACAAATCA 120  
TGGATATAAT TATGTGTATT CCAATGATAA TTCAACTAGT AAGCAACATG TAAGTATTTT 180  
AAATCAAGGC ATAATAACGA AATAATAGAT GGAACAGTGT ATTCTAATTG GATATACTGT 240  
TTTTATTTTG CAATAATTTA ATTTAAAAAG GTGAATTCAA CTTATAAAAT GATGTAAATG 300  
TTATGTCAAA ATCAACCAAT CCGTAATGTA TTTTAAAATG TTAATATAGT TCTGAAGAAG 360  
TATAAATGAG GTGTTGAAAT GGCTAAAAAT AAGAAAACgA ACGCGATGCG TATGCTTGAT 420  
CGTGCAAAAA TTAAATACGA AGTTCATAGC TTTGAGGTAC nTTAAGAACA TT 472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 734:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 519 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 734:

CATAGCCCCA AATTTTTTCT ATTATTTGTT CACGAGTAAA GATTTGCTTA GGACGTGCTG 60  
CAAGCATAAA TAATAATTGA AATTCCTTGT TCGGTAACGT CATCGTTTTA TTAGATACTT 120  
GGAGTTCCAA ATAGGATTGG TTTAGCGTTA AGTTGCCAAT AGTCATTTCT GAATTTGAAT 180  
TGATATTATA TCGACGTAAT ACAGCACGAA TTCTAAAAAT AAGTTCCTTA ACCTCAAAGG 240  
GTTTG GTTAC ATAATCGTCA GTACCGCTTA TAAACGCACG CTCTTTGTCA CTAAGTGCAT 300  
CCCGCGCTGT TAACATAATA ACTGGTATAT CATAATCATT TTTAATGTA TTACATAATT 360  
GAAAGCCGTC CATACCATCC ATCATAATAT CTACCACTGc AATATCGaCA CGCTGTTTTT 420

GTTTTGTnAA ATGGGCTAGC TATAATAATT TAGGGGATT

519

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 735:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 735:

ACTTGAAAAC	GATAAACAGT	ACTTTCAGC	TACACATTGG	AAAGCTATAA	ATGGGATACC	60
TTATGCAGGC	AGTAGTGATA	TTGATGGATT	GCCTCAAGAC	GGTATCATT	CGGTAAATGA	120
TAAAAATAAA	TTAGATAATT	TAAAAATAGG	CGAACAGGAA	TTATTCAAAA	TAGCATTGTA	180
CAGAAATCCC	CAAACGGTAA	ATTGTGGAAA	ATAACAGTTG	ACGATAGTGG	GAAACTTGGT	240
ACAGTGCTAT	TTTATTAGAA	AGGAAGGTGC	ATTATGGAAA	ATTTGTATTT	AATAAAGGAT	300
TTGGGAGCTT	TAGCAGGTCG	AGATTATAGA	GCTAAGGAAA	TACAAAACCTT	ACAAGGAATA	360
GGCATTGCGC	TGGGCTGACC	ACCAGGGTTT	AnGTGnCCnC			400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 736:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 780 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 736:

CTTTTTTATT	GAAAAAGTGG	TATTTGATTA	TCTATTTACT	ATTTATATTA	GCGGCACTCC	60
TTATTACATT	AACGACAATC	CAACATGTAA	CAGAAGATGA	CAATCATnTT	AATATAGGTG	120
TCGTAGATAA	AGATCAATCA	AGTGAAACGA	AATTAATCTT	AAACTCTATT	GGTAAAGGGA	180
GTAACCTAGG	AAAAAACGTG	AGCATTAAAG	CATATGATGA	TAAGCAAGCA	CATACTTTGT	240
TAAAAAACA	TAAACTTCAA	GGCTATTTTG	TTTTTGATAA	AGGTATGACC	AAGGCATTTT	300
ATAAACAAGG	CGAACTACCA	ATTTCAAGTAT	ATACATATGA	TCAACAATCC	ATGAAAAGTG	360
TCGTGCTATC	TCAGCTAACA	GATTCTGTTT	ACCAACGTCT	TATGCGATCA	ATGGGTGGCA	420
TCTTAGCTTT	TCAAGACTTA	GCACCGAAAG	CATCACATTC	TGACAGTATC	AATGTTATGA	480
CTGATTTGCT	GATtACAGGA	TTAAACCGTT	CAGGTGCAtT	TAACTTAGAA	CCGATTCATT	540

CACTATCTTT ATTTACAGTT TTGAAAATGA ATCAAGATAC TGTATTGAAA GCGCGATTGA 660  
 AAATGTTTCA TTTTCTCTAAA GAGCGTTTAT TAATCATTCG TACGTTGATT ACATGGTTTT 720  
 5 ATACTATGTT ATGGGnGTAT CGnTGGTGTA GTTTGGAATG TGGTTCAGTA TTCCGAATnA 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 737:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 946 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 737:

TATTTAATTT CTnATTnTG GTTTTTAATT nTAAGATGAC CATAAATGAA TTTCTTCTGC 60  
 20 TGTACATAGAA TTAGAGCAAA ATACGAGCAT AAATTTAACT AATTTCTTGC TTGTCTTATA 120  
 GTCTTGATTG CCTTGTAATA ATGTTAGTAT TAATTGCTTC ATCGTTTCGA ATTGTTGTGT 180  
 TGATTTAATA GCGATTGCTA AACCTATATT TTTTTCGAAA AGCTTTTCAA AACATCTATT 240  
 25 TAACAGGTTG TAATTCGTTT GGCTAATCTC AATATCGTGA ATATCGTCAA TGAAAACGAC 300  
 AGGTTTTGGT AAGTGCTCAA AGTTAATATC GTAATATTCA TTGAAAATAA ATTGAAATAG 360  
 TTCATTGAAA TTACTAAATC GAACAAATAC TTTGGCAGCG TGACTTCGAT CTTTCGGATT 420  
 30 AAAATCATCT ATATGAATAT CTGTTGTATT TGTAGCCAGT TGAGCTGTTA AATCAATTGT 480  
 TGAAATTAAC TCAGTGAATT GTGATACGTT ATCTTGTTGG AAGTGTATTT GTGGTGGTTC 540  
 AGTAATCTTG GAAACGAGTG AACGGAAGTG TTTAGGACTA AAATGCAAGT AATTCTTAAA 600  
 35 TTGATTTGCA AAATTTGTAT GACTGTAAA ACCGGCCAAT TCAGAAACAG TTGTAATAGA 660  
 ATGTTTTGTA GAAAGTAATA AATTGATGGC GTTAACAAGT TTAATACTTG TAAAATAATC 720  
 40 TTTAAAATTC ATACTCAAAT ATCGAACAAA AAGATTAGAA CAATATGATT CAGAGATGTT 780  
 GCAATGCATC GCTATATCTT TTAAAGACAA GTGCGCATCA ATATkGTCAT GAATATAGTT 840  
 TACACAGTCT ATGAACACCG GATTGCTTAA AGCAATATTT GGTAAATATT CATGATCTAT 900  
 45 TCTTATAAAA GCTTCTTTAA GTAAAGTGTC TATnATACTT TGACCT 946

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 738:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 397 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 738:

5 TTTATTTGAT GATGTACTAA AGCAAGATGA AAGATTTGTT ATTGTAGTTC AAGCATTAGA 60  
 AGAAAAGAAC GGACAATTAT TAAAGAGAAC TTAAAGGGAA TATCCCGGTT TAAACCATAA 120  
 ACAAATGAAT GATTTATTTA TGCACCTAAA GGAATTATTT TCCGAAGAAT CATTGTCTGA 180  
 10 AAACCAATCA GCGTTCAGTA TTACAGTTTA TACAAATTTA GATTATACTG CTGACCAAAT 240  
 ATATGCTCAT GTAAACGTT TCAGAGGTAA GCATGACTGG ACACAAACAG CTAAATAAAA 300  
 TCAAGATGCT TGCAGTGgAT TkTAACmATT AATGtTAGaT gTCmCyGcAT TTTTaATGCC 360  
 15 ATTCGGTAAT TAATCCGGAT GGTCCAATTT AATTAAC 397

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 739:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 915 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 739:

CAAGGTATTT CATTTGACCC ATTCACACCA TTAATAGTGG CAGCAGCATT ATACTTTGTC 60  
 30 TTAACATTTG TACTTACACG CATTATGAAC ATGATTGAAG GGAGATTGAA TGCCAGTGAT 120  
 TAAATAAAC AATCTTAATA AAGTTTTTGG AGATAATGAA GTTTTAAAAs ATATCAATCT 180  
 TGAAATCAAT CAAGGGGAAG TAGTAGCAAT AATAGGTCCA TCTGGTAGTG GTAAAAGTAC 240  
 35 ATTGTTAAGA TGTATGAATT TATTAGAAGT ACCTACTAAA GGTCAAGTGA TTTTGAAGG 300  
 CAATGACTTA ACGGAAAAAG GGACACAAGT AGATAAACTA CGTCAAAAAA TGGGTATGGT 360  
 ATTTCAAAAC TTCAACCTAT TTCCACATAA AAAAGTTGTC GATAATATTA TTTTAGCTCC 420  
 40 TAAATTATTA AAGAAAGATA ATAACGATGA ATTACATAAG GAAGCATTGT CGTTATTAGA 480  
 TAAAGTGGGA TTAAAAGAAA AAGCAGATGT ATATCCGAAT CAATTATCAG GTGGTCAAAA 540  
 45 ACAAAGGGTA GCAATTGCAA GAGCTTTAGC AATGCATCCA GATGTTATTT TATTGATGA 600  
 ACCAACTTCA GCATTAGATC CTGAGGTAGT TGGTGATGTA TTAAAAGTAA TGAAAGACCT 660  
 AGCCAAAGAA GGTATGACCA TGGTGGTTGT GACACATGAA ATGGGATTTG CCAAAGATGT 720  
 50 AAGTGACAAA GTCATATTTA TGGCAGATGG CGTTGTCGTA GAGTCAGGCA CnCCAGTCGA 780  
 AATATTTGAA CAACCGCAAC ATGAAAGAAC ACAAATTTTC TTAGCAAGAG TATTATAACA 840  
 55 ACCTAACGAG GCTTGAATAT ATGATACGCA CCACAAAGTT ATATCATATA TTCAAGCTTT 900

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 740:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 435 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 740:

AGTAAATGCG ATGTTGCATG GAGGCTATAG CAATGAGCAA TAAAGCTTGG GGCGGTAGAT 60  
 TTGAAGTACA ACCTGAAGAG TGGGTTGACG ACTTTAACGC ATCCATTACT TTTGATCAAA 120  
 CGCTCATAGA TCAAGATATC GAAGGCAGCA TTGCACATGC AACTATGCTT GCGAATCAAG 180  
 GCATTATTAG TCAACAAGAC AGCGAACAAA TTATACAAGG ACTAAAATCT ATTCAACATG 240  
 ATTATCATCA AGATCAAATT CAATTTAGTG CATCATTAGA AGATATTCAT TTAAATATTG 300  
 AACATGgAAT TAATTAAACG TATCGGTGgA TGCTGGTGGT AAGTTGCATA CTGGACGCgT 360  
 AGtAAACGAT CAAGTTGcAA CAGACATGCA CTTGTACACT GAAGAAACAA GTGCAAGnnn 420  
 TCATCGCATT GGATG 435

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 741:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1198 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 741:

AATATCATAA CCAAAGCTTG TCATTACTTA TATGTAAAGA TTAGAGGCTA ATTACATAAT 60  
 CCTAACTTAT TTAACAGGAA GTCATGAAAA CTATATTACA ACTAAAAGTA TAACTTTCCA 120  
 TCACCAAAGT CAGAATTTAT TGAAACACTC AACTGATAAT ATAGAAGGCT AATTATAAAA 180  
 ATACCTGGCG ATTAATAAAC TGTTTTCCGTT TTTTAGCACT TAATATATTT AAAAAGACAA 240  
 ATAGAGCCCT TTCAGGCTCT ATTTnCTGTA TCCTTAACAA CAGAAGCTGT TAAACTACC 300  
 CGTCTTTTcA CAaCCAAaGc TaCAAAAaaG aTgGCTAGTT ATTCTTTTCGT CACCCGCTGA 360  
 ATCATTAGTG TTGTTATTTC CTTTAACTTG CACGTCTAAA TCAAGAAcTT TTTCCAAaGA 420  
 TaAAACCCCC TATTTAAAAG TTGAAGTTAA GACCCcTTCA ATTGTCATAT TAATCATTAC 480  
 CACACAATAA ATCAATGAAT TTAATAATAA TTATTGTGTA TTAATTTGTA AATCGTCATT 540

TGAATATTTT TTGTTTAACT CTTAAATTTT GGGTTTAACT TCCTCTATTT CTAACAGTTA 660  
 TACTCCAGGA TTAGTTTCTT TAGAATCCGT ACCGATTAAT TTAACAGTAT GGTTTTGCCA 720  
 5 GTCAACTTCA TAAGTAGATG TAAACGTTAC TGTATTTTGA TnTTTGTAGT TATTTCCAAC 780  
 CCAGTGTAGT CGATTCCATT GATTAGTATA TCTATCCATT TCTCTTTGGT AAGTTACTTT 840  
 10 GATTTTAGAT TtTTTTGTAT CATTTTGTTC ATGAGAAAGT ACGCTTATAA ATTCTGGGTT 900  
 AAAGTTACCA CGCGCCAATA AAGGCATTTG ATGTGTTGGC AAGAAATTTT GACCAGCATT 960  
 TGAACTACTT TGTCTACCAC CTAAAAACAG TTCATTACCA TATGTTGGGT CATAACTATC 1020  
 15 TCTACCATAT GGTCCCCAAC CATTATTCAT AATTTTGTGC GCCTCAACAC CCCAGCCAAT 1080  
 TGATTTATGA TTTGTTTTTC TATCAATCGT AGTTCTGTAA CTTTCTTGTT TATAATTTAT 1140  
 CGTTTCTGAA AATGATTTTG ATCCATTTAA TCCACCTGAT AAGCCATTAG ATATATTA 1198

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 742:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 818 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 742:

GTGGCATATn CAAACTACTA CTGAAAGATC AATTACATAC GTACAGATTT TGCAAAATGA 60  
 TCAAGATTAT CCAACAATTT TTAGATGAGa CAAAACGTAA ATCTGTAATT AATTcAGATG 120  
 35 TTAATGTAAC GGTAAAAGAT AGAATAATGA CTTTATcAAC GTGCGAAGAT GCATATAGTG 180  
 AAACGACGAA AAGAATTGtT GTTGTGCGAA AAATAATTAA GGTAAGTTAA ACAGAAAaGA 240  
 GGATAATTAT GAAATTTATG GCAGAAAATA GGCTGACGTT AACaAAAGGA ACAGCAAAAG 300  
 40 ATATTATAGA ACGATTTTAC ACGAGACATG GGATTGAAAC ATTAGAAGGC TTTGATGGCA 360  
 TGTTTGTTAC ACAAACTTTA GAACAAGAAG ATTTTGTATGA AGTGAAAATT TTAACAGTTT 420  
 45 GGAAATCAAA GCAAGCTTTT ACGGATTGGT TAAAATCTGA TGTCTTTAAA GCAGCGCATA 480  
 AACATGTTAG AAGTAAAAAT GAAGATGAAA GTAGCCCGAT TATAAATAAC AAAGTAATTA 540  
 CATATGATAT AGGCTATAGT TACATGAAAT AATTGAATTT AAAGAGGTTG CAGTACTTGT 600  
 50 TATGACAATT GGTATTGTTA GCTTTTGTAA CGACCATACA TGATACCGAT GATGGTCGTT 660  
 TTTTAAATGa ACACAAACAT GCTAACAACA AATTGCTAAA ACATAGTTTG aTTTGAATGT 720  
 GgCTTTGGAA AATAATCATC CAtTATATCa TTtTGGATTn TATTTTGGAA GAAGAAAAGA 780

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 743:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1209 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 743:

	TGCTGGTAAA TCTTCCCTTA TCAAGTCTTT AATTGGTGAA TTTAATGCTA CCGGTACTAA	60
15	ATTGTTATAT AACAAACCTA TACAACAACA ACTGCAACAT ATTACATATA TTCCACAAAA	120
	AGCACATATT GATTTAGATT TTCCTATAAG TGTGGAACAA GTGATTTTAT CAGGTTGCTA	180
	CAAAGAAATT GGATGGTTTA GACGACCTAA TAAATCAGCA AGGGATAAAC TCAAACAGTT	240
20	ATTAAGCGAT TTAGAATTAG AATCTTTACG TCATCGACAA ATTTCAGAAT TAAGTGGTGG	300
	ACAATTACAA CGTGTGCTAG TAGCAAGAGC ATTGATGTCC GAAAGTGAAG TTTATTTTCT	360
25	AGATGAGCCG TTTGTGCGAA TTGATTTTAG TAGCGAAAAA tTAATCATGA CAAAAATcGA	420
	GAACTTAAaA CAACAAGGAA AACTTATTcT TATCATCCAC CATGATCTAT CAAAAGCAAA	480
	GCAATACTTT GATCGCATTa TTCTATTAAA TCAAACATTA CGATACTTTG GTGATAGTGA	540
30	AGAGGCTATG AGTGTCACTC GCTTAAACGA AACATTTATG AGTAGCACTG ACTGTAGTGA	600
	CCCTAGTCAA AGGAGCAATA TAACATGTTA GAGTTTGTCT AACATTTATT TACATATCAA	660
	TTCTTGAATC GAGCATTGAT AACTTCAATT ATTGTAGGGA TAGTTTGTGG TACAGTTGGT	720
35	AGTTTAATTG TATTACGTGG TCTTTCATTA ATGGGAGATG CAATGAGTCA CGCAGTATTA	780
	CCTGGTGTGG CCCTATCATT CTTATTTGGT ATTCCAATGT TTGTAGGCGC ACTTATAACT	840
	GGTATGATCG CAAGTATTTT TATCGGTTAT ATCACATCTA GTAGTAAAAC GAAACCTGAC	900
40	GCCGCTATTG GAATTAGTTT TACCGCTTTC TTAGCTTCGG GGATTATTAT TATTAGCTTA	960
	ATAAACACTA CGACAGATTT GTACCATATT CTGTTTGGTA ATTTACTGGC AATCACAAAT	1020
45	AGTGCAATTT TAACAACAT TGTGATTGGT TCAATCGTCC TTATTCTAAT CATTATTTTC	1080
	TATCGTCCAT TAATGATTTT TACATTCGAT CCAACGTTTA GTAGAATGAG TGGTCTAAAT	1140
	ACGACGTTAT TACATTACTT TGTGATGTTG tTACTCTCAT TAGnAACAGT AGCAAGTatT	1200
50	CmAACGGTA	1209

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 744:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 675 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 744:

	CCGCCTTTTCG TAAACCTAAT ATAATACGAA ATTTTCGTAT TGTCAACATT AAATACGTTT	60
10	TTTTCGTAAA AAACCTTACT ATGATATGAA AATTTCGTAT AATAAGAAAA AAGGAGGTAA	120
	GTAATATGAA CAAAGAmAGm AATATTATTA TAGCCAAAAm CATTAGAAAA TTTCTCAACG	180
	ATTCAAATAT GTCTCAAAAG AAACCTTGCTG AaCTCATTAA CATAAAACCA TCTACTTTAA	240
15	GCGATTATTT AAATTTACGT TCCAACCCCT CTCACGGCGT TATACAAAGG ATAGCTGATG	300
	TTTTCGAGGT TGGTAAAAGC GACATAGATA CTACATACAA AGACGATAAC GACATCACTT	360
	CCATATACAA CAAACTCACA CCTCCCCGCC AAGAAAACGT ACTTAACTAT GCAAATGAAC	420
20	AATTGGAAGA ACAGAATTCT AAAGGAGATA ACGTTGTAGA TATTAATTCA TATAAACAGG	480
	AGAAAACCTCC AGTTAACGTC AATGGTTGCG TCTCTGCTGG TGTAGGAGAA CGTTTACACG	540
25	ATGAAACGCT ATTTACTGAA ATGGTTAAAG GACCTATCCC CACACACGAT TTAGCGTTAA	600
	AAGTAAATGG TGATTCTATG GrACCTATGT TTAAAGATGG CGAAATCATA TTTGTGGAGA	660
	AAACTCACAA TnTGA	675

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 745:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 924 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 745:

40

	CAGGTGTCAT AGTTGAACTT GGtGGTTTTG GACTAATCGT TAAATCATCA ATTTGTGTCA	60
	TCCAAGGTTG GAATTTACTG CCTTGTGTCT CCAGTGCCT GAAAATACCT TTATCTTGAA	120
45	ATAAGTCAAC TAACTCTTGG ATACCTTTAA TTAATGCTGG GTTACCACCA GAAATTGTAA	180
	CGTGGTTAAA TAAATCGCCA CCAATTCGTT TTAATTCATC ATAAATTTCT TCAGCGGTCA	240
	TGAGTTTTAT ATCGCCTTTA GCACTACCAT CCCAAGTAAA TGCAGAATCA CACCAGCTAC	300
50	AGgATaATCA CATCCAGCTG TTCTCACAAA CATCGTTTTT CTACCGATTA CTCGACCTTC	360
	ACCCTGAATG GTTGGACCGA ATATTTTCGAG TACAGGAATT TTAGCCATTA GTTACACCTG	420
55	TTCCTTTGGT CTAAATACGA CATAACTTGT TGGTGTCTCT CTTACAAATA CTTGAATACA	480

TACGATTTC A GTTGAAGGGA TTTTGT TTTT AAAAGCAGGT AAGTTATTTA ACAGTTGATG 600  
 GTCAAATTTA CCGTGTATCA TCTTTTTC A ATGGCTAAAG TTCACTAAGA AGCCAGTGTC 660  
 5 ATCTAGTTTA TCACCGACAA TTGTTAAaya cAAAGTAAGT ATGACCATGG ACATTTTGAC 720  
 AAATACCTGC TTCTTCACAT GGAATGTGAT GTGCAGCCGA AAAATTAAAA TCTTTATTTA 780  
 10 ATTCGAATTG ATATGGATGC GTTGTACTAG GATAGATTG TTGTAACATT TTAAAGCGCT 840  
 CCTTTACTTT CAAGATATTG ATTTAGTCCA CGTTGACGTA AATGACAAGC TGGACATTCA 900  
 CCACAGCCAT CCCCAATGAT ACCG 924

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 746:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 971 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 746:

ATCTTTTGGG TATTTTCTAT ATTAGCTGTT GTTTTCTTAG TATTATTTAG TTTTGCTGTT 60  
 GGTGCATCAA ATGTACCAAT GATGATTTTA ACATTTATAT TACTCGTTGC AACCTTTGGA 120  
 30 ATTGGATTTA CTACAAAGAA AAAATATCGA GAAAACGATT GGCTATAAGT TATATCGACA 180  
 ATAACACGCG TTGATTTAAG ACCACACATG TTCATGATGA ACATTTAACT GGTTTTATAT 240  
 TGGCGCGTGT TTTTATTATT TAAGGTATAA AAGCGTAATA TGTTACCTAA TTGTTAGGAC 300  
 35 TACATATTAC GCTTTTGGTA ATTATTTTGA TTTTCTTTTA AATCGTTGTT CATGTAATTG 360  
 TATTAACGCA TCATGGTGGG GCTCTAAaTA ATCATtGCTA ATTcTTGATG GAGACCmCGA 420  
 TTtCCAACTA rGATkGAATT kGGACCmCTA ATkGTTAATG GTcctCCTAG TAAATTGGAA 480  
 40 GCTTGTCAT TaCTTCCaTA TAAAtAACCA ATCCGCCAGC AAAtCCCcAT GGTkGAAGTC 540  
 TTGGCGTCAT ATATGCTTCT AAaTTACCTG TAGCAACTGA AACGATTTCA AGCGCTGCAC 600  
 TACCATATGC CCTTGCACTT CTAGAATCAT TAACAATTTT TTTAAAGATT TCTCCTAAAA 660  
 45 TTGGTTTAGT TAACCAGTTC GGATTGATCC CAATAATGCT TTGTCTTAGA TTAGAATCAT 720  
 TCAATGGTTT CAAGGGTTGG CTACCACGAT ATGCACCTTC CCCTACTTTA GCATGATATA 780  
 50 AGACATCAGC CATAACATCA TATACAAAAC CTGCATAAGG TTTACCATCG ATATAAATAC 840  
 CAATTGAAAT TGCGAAATTT TCTTGTGAT GAACAAAATT CAATGTACCG TCTATTGGGT 900  
 CAACAATCCA TACCGTACCT TTGGAAGTAT CGATGTCATG ACCATGCCCT TCTTCACCTA 960

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 747:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 865 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 747:

```

TTCTCGTCAC TGTACGTTGT ATTGCGGCAT CATCCATTAT GATACGTTCA GACATATTCT      60
CACCCTTTCA AAATTTAGAA ACAAAAAACC TCATGTCTTT AATATCGACA TGAGGTTTAG      120
TATATACAAT CAGCCTATTT ACATAGAAGA ATCGTAGTAT TACTACTTAT TCTTGCATAT      180
GTGAAAGTGT TATGATCATT TTAGTATATA TCTATATTTT CATGTCTTTG ACGTCTCTCT      240
GGACGCTCAA TTAAAGACTC TTTATGTTGT ACTTAAACTG TTATAAGGAT AATACTAATC      300
AGGCGCTTTG TCAATCTATA TTGAAAAATT AACCATACTC AGTAAAAATG TTAACCTTAA      360
TCTATTTTAT AATGTGTTTT CATTTAAAAA AAACGAAAAC GATAAACACT TATAGTTTAC      420
ATAATAATGT TATCGTAATT ATAGCACGAC ACAATTATGC ATCTCTTTTT CGAATTGTAT      480
CTAATAAATC TTCAAAGTCT TGTGGTAATT CAGCATGTCT TTCAATATAT TCACCTGTTA      540
CTGGATGTTT GAATCCAATA AGTCCAGCAT GTAGAGCTTG ACCACCAATA TCCAATGTCT      600
TTTTCGGTCC AACTTTGGA TCACCAACTA ATGGGAAGCC AATATATTTT ATGTGAACAC      660
GGATTTGaTG CGTACGTCCT GTTTCAAGTT GACATTCAAC AAGCGTATAA TCTTTAAAAA      720
GTTCTAGTAC GTTAAATGT GTCACTGCTT CCTTACCATC ATCAnCAACA GCCATAGATT      780
GACGATCATT TTTGTTTCTA CCAATTGGCG CATCGATTGT ACCGTAATCA TGAGGAATAT      840
TCCCGTGGAA CTAAAnCGAT ATAGT                                         865

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 748:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 818 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 748:

```

ATAACATTGT GGAGCCTATG ACATTGATTT ATGTCTCGGT CTCAAATGTT CTTGTAAAAA      60
AACTAAGTAT AGTTGAATTT TAAGTTAAAA AAATTGTTTT TGCAAAAATA AAATAATCCA      120

```

TTTTAGGTTC TTCGCCTCTA AAAATCCTTG CGaTATTAGA GCGATGTCTA ATTATCAATA 240  
 TGATTGAAAC TAAGAAACTA ACGACTAATA AAATATAGTC TTGAATGATA AGCGAGCCAA 300  
 5 TCACACAGCA AATTGCTGCA ACGATACTTG CTAAAGAAAC ATATTTAAAA ATCTTCAATA 360  
 CAATAAAGAA GATAATTGCA AGTATTAGTA AAAGTATCGG ATTGACTCCC AAGACGACAC 420  
 CTGCACTAGT TGCAACAGCT TTGCCACCTT GGAATTTTAA ATAAACAGGA TAAACGTGTC 480  
 10 CAAGTATAGC GAATAAGCCA ACAATTAAAC CATTTGTAAA AAAAGTACTA ATAGGGCCAT 540  
 CTGCGTGAAC TTGTAACCAT AAAGGGAAGA AAACAGTTAT GAACCCCTTG AAAATATCTA 600  
 15 GAAATGTTAC CAAGAATCCT GCAGGACGAC CTAATACTCT AAAGCTATTA GTAGCGCCAG 660  
 TATTACCACT ACCAAATTGT CTAATATCTT TTTTGAAAAA TAATTTTCCA ATTACGAATC 720  
 CACTTGGGAA AGCGCCGATA AGATAACTTA GTAGTAACAT GACGATTATC ATCATAAATA 780  
 20 TTACACATCC TTTAATATCT TAGGACTATT TTATCATA 818

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 749:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 971 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 749:

ATATCCAATa ACTGTTcATT GTCTTGATAT TCCTTAAATG TTTcATAATG CTCATTAGAA 60  
 35 ATGACAATTT CAAGCAACCA ACCCGTGCCA CTTTCCTCTT TATTAAATTAT TACGCCATCT 120  
 TCTAAITCAT ATTCTATAAT TCTGCCGTGT TCATTcACAA TTTGAAACCT TACTGCTTTA 180  
 AAAGTTTTCA TATTCCCACA TCCCATTAGT TTAATATTTA TGATTTTTGA ATTATTTAGA 240  
 40 AGATTTAAGG TCATTTcATG ACTAATTTCT TTAATATATAA CAAATAACGA GATGCTATAG 300  
 CTATTAATTA TATAAAATTT GcCATTTTTGa CCATTTTTTAA GCTAGTAATT AAGATATAGG 360  
 cATAGGAGGT GAATCACACA CTACATGCTA AATAAAATCG TAATTGTCCG GAGcTGACGA 420  
 45 AAGACGCACA AATATTTGAA AAGGAGGATA GAAAAATTGC AACGTTTTGT GTTGCAACGC 480  
 ACCGAAATTA TAAAGATGAA AATGGAGAAA TCGTCTGTGA TTACTTATTC TGTAAGCAT 540  
 50 TTGGCAAGTT AGCTTCTAAT ATAGAAAAAT ATACTAATCA AGGTACATTG GTTGGTATAA 600  
 CTGGTCAAAT GAGATCAAGA AAGTATGATA AAGACGGACA AACACACTTT GTCACTGAAT 660  
 TATATGTTGA AACAATAAAA TTTATGTCCC CTAAATCCCA AAATAATGAA ATTCTCTCAG 720

TCCAATTATC CTAAACATCC TTAATATACA TTTAATCCAT CCTAAATTTT TTATAGATCT 840  
 AATTAAGTTG AAATATACTC ACTTAAAAAC GACTTACATG ACCTAGTACT GTTGGTAAGG 900  
 TCGnCTTTTG GTGTAGTTTT CCTAATAGAn AATAGACnTA GGTGCCCCAA CCGATTACAT 960  
 AAAAAATTGC C 971

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 750:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 832 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 750:

ATAGATTACT CTTTGTATCT GTAGATCCTA CTGTAACGAC ATTGTCCATA GATGCAGGAA 60  
 CATCTTTCAC TTCGCCATTA CCTTGATATT CACGCTGTAA TTTTAGTTTC TGTTTGTGTCAT 120  
 TGACATCAAT ACCATCATT A CCAGCTGCAG CAACAACGAT AGATTTTTTC TTCTTGGCGT 180  
 AATTGATTGC TTTCTGTAAC GCATCGTATT CTACTTTTTTC ATCTTTTCTA AATGTTTGAT 240  
 GGTCATTTTT GTCCAAAATA ATATAACTAC CAACACTAAT ATTAATGACT TGaTTTCCAT 300  
 CATTTGCAGC TTGAACAATC GCTTTTGATA CCCAAAGCAG TTCTGTTTTT TTACTIONACAA 360  
 ACACGCGATA CATTGTAAAT TTGTTATTCG GTGCAACACC TATTAACCTA CCATTAGCAC 420  
 TCGTTTGACC CGACACCATC GTGCCATGTC CTTTCCTATC ATTGACATCG TGAACATCAC 480  
 CTGTTTCCTC CGGTTTCAGTA CCTCTAAAAC CGTTTAAAGG TACTAAATTT TTAGAATCAG 540  
 TCGAGAAATT ATTTTTCAAA TCGTCATGGT TTTTCATCAC ACCTGTATCT ATGATTGCTA 600  
 TTTTGGTGTT AGCATGTTTT GGCAAATCAT CATAACGATGC ACCATTATTG GTTATTTTAT 660  
 TCATATCCCA TTGTCTTGAA AATAATGACT CATTGTATGT TCTGTCTATT GTTTTCTCGC 720  
 TAGTAATACA AGTTGAACAT GTGGCATTGA TATATTTAAc ATCATTTTTA TAGTTTGCTA 780  
 AAGCATTAGC ATGCATTTTC GTCATTTTAA TCTGTGCCAC ATGGAATTCC GG 832

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 751:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 475 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

GTAATATCAA TCTCTTCATA AGCTGAATTA TTTTCATGCA CTTCTTGATG TGATGATTTG 60  
 TCACGAACCG CTACAACCTAA CATTCTTATCG TCTAAAATAA GTTGTTTATA TTTTCTAAT 120  
 5 TCATCAGGCG CTAAGTTGTA GCGTGATAAA ACTGCATGTT CACCATCTTC TCCTGTTAAC 180  
 AGTTTAGTCA TTCTATCACT AAATGTTCCA CTTGTTGAGA TAAGGGAGAT TTCAGAGTCG 240  
 TGTAAGTCAT TTAGGTGTAA TTTACTTTTA CTAATAATTG TTAGCTCTGA TTCTAAATAA 300  
 10 CCTTCAGATT TCTTTTGATT GATTACGTTG TATAATTCGC CAGTGTCATT TACTACAGTA 360  
 ATATCTGCCA TAGTTGTCGC CCCTTTAAAA ATTGTTTAT tTAATCTTTT ACCCTTCTTA 420  
 TnATAAAGTA AAACCCCTTAC ATTATTAAGT nATAAGTCTT CATTCGCATT AAACG 475

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 752:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1019 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 752:

GCGACACTTG TGAGTTCTCC AGCAGCAAAC GCGTTATCTT CAAAGGCTAT GGACAATCAT 60  
 CCACAACAAA CGCAGTCAAG CAAACAGCAA ACACCTAAGA TTCAAAAAGG CGGTAACCTT 120  
 30 AAACCATTAG AACACGTGA ACACGCAAAT GTTATATTAC CAAATAACGA TCGTCACCAA 180  
 ATCAGAGATA CAACGAATGG TyATTATGCA CCCGTAACCTT ATATTCAAGT TGAAGCACCT 240  
 ACTGGTACAT TTATTGCTTC CGGTGTAGTT GTAGGTAAAG ATACTCTTTT AACAAATAAA 300  
 35 CACGTCGTAG ATGCTACGCA CGGTGATCCT CATGCTTTAA AAGCATTCCC TTCTGCAATT 360  
 AACCAAGACA ATTATCCAAA TGGTGGTTTC ACTGCTGAAC AAATCACTAA ATATTCAGGC 420  
 40 GAAGGTGATT TAGCAATAGT TAAATTCTCC CCTAATGAGC AAAACAAACA TATTGGTGAA 480  
 GTAGTTAAAC CAGCAACAAT GAGTAATAAT GCTGAAACAC AAGTTAACCA AAATATTACT 540  
 GTAACAGGAT ATCCTGGTGA TAAACCTGTA GCAACAATGT GGGAAAGTAA AGGAAAAATC 600  
 45 ACTTACCTCA AAGGCGAACT ATGCAATATG ATTTAAGTAC AACTGGTGGT AATTCAGGTT 660  
 CACCTGTATT TAATGAAAAA AATGAAGTGA TCGGaATTCA TTGGGGCGGT GTACCAAATG 720  
 AATTTaATGG TGCGGTATTT ATTAATGAAA ATGTACGCAA CTTCTTAAAA CAAAATATTG 780  
 50 AAGATATCCA TTTTGCCAAC GATGACCAAC CTAATAACCC AGATAATCCT GATAACCCTA 840  
 ACAATCCTGA TAACCCTAAC AACCCAGATG AACCAATAA CCCnGACAAC CCTAACCAACC 900

CAATTAAGTT CGTCTAGATA AAATAGGAAG CAAAGTCTTA GCAACGTAAA ATATTTTGA 1019

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 753:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 533 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 753:

ATTCTTATCC CAGGTAGGTG nTTTACTTCT TATATTAGGT GCAATAACTC ATGCCACTCA 60  
 TCTTGTTGGCA CAACATGAaT CGCATTTTCA AAAATTGCAT GTCCTGCTTG ATCAGTCAAA 120  
 CCGGCAGCAT GATCAAAATG CATATGTGTC ATTAGCACAT AATCAATATC CTTTGGCGTT 180  
 AAATTATAAT TTGCCAAATC AGCAATTATA TGACTTTCTT CATCTACTCC AAAATTACGT 240  
 AATTGCTTTT CAGATAATTT ACCATTACCA ATACCTGCAT CTATAATCAA ATTATATTGA 300  
 GCCGTTTGAA TCAAAATTGG ATGTGTCGGT AAATTGATTT GATTTTCGTTT ATTGTCATTG 360  
 TATTGCTTTG ACCACAACGG CTTCGGAACA ACACCAAACA TTGCACCGCC ATCCATTTTT 420  
 GTATTGCCAC CATTTAGaTA ATGAATAGaT ATATCCCCGA TTTTCATAAC ATCACCTATT 480  
 CTTTCTGTAT TCGTTATTAC AATTAGCATG TGTTTATTAC ATCATATCAC TAT 533

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 754:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1225 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 754:

ATCCCCTGCA AGTGATAAAA TTATTGAAAA AGGCGACATG ATTACATTAG ATTTTGGCGC 60  
 GTATTATAAC GGCTATTGTT CAGATATTAC TAGAACATTT GCTATTGGAG AACCAGATCC 120  
 TAAACTGAAA GAnATATATC AnATAGTACT TGAATCTCAA ATGAAAGCAA TTAATGAGAt 180  
 TAGACCTGGC ATGACTGGTG CAGAAGCTGA TGCCATTTCA AGAAACTATt TAGAGTCAAA 240  
 AGGGTATGGA AAAGAATTTG GACATTCaCT AGGACATGGT ATTGGTTTAg AAATCCATGA 300  
 AGGGCCAATG CTGGCTCGTA CGATACaAGA TAAACTTCaA GTTAACAACT GTGTTACAGT 360  
 AGAACCTGGT GTTTATATAG AAGGTTTGGG CGGTATAAGA ATAGAAGATG ATATTTTAAT 420

AGCGTGTAAT ATGAGGAGGA AACTGAATGA TTTCGGTTAA TGATTTTAAA ACAGGTTTAA 540  
 CAATTTCTGT TGATAACGCT ATTTGGAAAG TTATAGACTT CCAACATGTA AAGCCTGGTA 600  
 5 AAGGTTTCAGC ATTCGTTTCGT TCAAAATTAC GTAATTTAAG AACTGGTGCA ATTCAAGAGA 660  
 AAACGTTTAG AGCTGGTGAA AAAGTTGAAC CAGCAATGaT TGaAAATCGT cGCATGCAAT 720  
 ATTTATATGC TGACGGAGAT AATCATGTAT TTATGGATAA TGAAAGCTTT GAACAAACAG 780  
 10 AACTTTCAAG TGATTACTTA AAAGAAGAAT TGAATTACTT AAAAGAAGGT ATGGAAGTAC 840  
 AAATTCAAAC ATACGAAGGT GaAACTATCG GTGTTGAATT ACCTAAACT GTTGAATTAA 900  
 CAGTAACTGA AACAGAACCT GGTATTAAAG GTGATACTGC AACTGGTGCC ACTaAATCGG 960  
 15 CAACTGTTGA AACTGGTTAT ACATTAAATG TACCTTTATT TGTAACGAA GGTGACGTTT 1020  
 TAATTATCAA CACTGGTGAT GGAAGCTACA TTTCAAGAGG ATAATCTCTA ATTTGTTAAC 1080  
 20 AAATAGCTTG TATTCATAT ACTGATTTAA CGTAAGAnAT TCTAAATAAG TCTCATAAAG 1140  
 CTATTGCCTA AAATGATTAT AGGTTATATG CTGATATGAG GCTTTTTATT TTTAAATAA 1200  
 TTTTAAAT ATAAACGAA TCGTC 1225

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 755:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1265 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 755:

ACAAACAAAT CACTTAGTTA AAATTGACAG TGCATTATAT TCCGATAAAT TATTCAACAT 60  
 TGTAGAAAAnn AGAATTGATA CACCAGATAT TGGCTATAAT ACAGTGGTTT TATCAGAAAA 120  
 40 ATGAGTGTAG AAATTAAAGG GATACCTGAn GTGTTGAATA AATTAGAATC GGTATACGGT 180  
 AAACAAGCAA TGCAGGCTAA GAGTGATAAA GCTTTAAATG AAGCATCTGA ATTTTTTATA 240  
 AAGGCTTTAA AGAAAGAGTT CGAGAGCTTT AAAGATACGG GTGCCAGTAT AGAAGAAATG 300  
 45 ACTAAATCTA AGCCTTATAC AAAAGTTGGT AGTCAAGAAA GGGCTGTTTT AATTGAATGG 360  
 GTAGGTCCTA TGAATCGCAA AAACATTATT CACTTGAATG AACATGGTTA TACAAGAGAT 420  
 GGAAAAAAT ATACACCAAG AGGTTTTGGA GTTATTGCAA AAACATTAGC TGCTAGCGAA 480  
 50 CGTAAGTATA GAGAAATTAT AAAAAAGGAG TTGGCCAGAT AAATGAATAT ATTAAACACC 540  
 ATAAAAGGAA TTTTATTATC TGATGCAGAG CTCAAAACAC ATATAAATTC TAGAATATAC 600

TATGATTTCG CTCAGACTT TATGTCTGAT AAATATCTCA GTGAAGAATA CTTAATTCAA 720  
 ATAGATGTAG AATCTTCAAA TAATCAGAAA ACAATTGATA TAACAAAACG AATAAGATAC 780  
 5 CTGTTATATC AACAAAATTT AATTCAAGCA TCTAGTCAGT TAGATGCTTA TTTTGAAGAA 840  
 ACTAAACGTT ATGTGATGTC GAGACGATAT CAAGGCATAC CCAAAAATAT ATATTATAAA 900  
 AATCAGCGCA TCGAATAGGT GTGCTTTTTA ATTTTTTAAGG AGGAAATAAG CAATGGCAGA 960  
 10 AGGACAAGGT TCTTATAAAG TAGGTTTTAA AAGATTATAC GTTGGAGTTT TTAACCCAGA 1020  
 AGCAACAAAA GTAGTTAAAC GCATGACATG GGAAGATGAA AAAGGTGGTA CAGTTGACCT 1080  
 15 AAATATCACA GGTTTAGCAC CAGATTTAGT AGATATGTTT GCATCTAACA AACGTGTATG 1140  
 GATGaAAAA CAAGGTACTA ATGAAaGTTA AGTCcTGaCa TGaGTaTTTT CaATATTCCa 1200  
 AGTGaTGaTT TAAaCACaGT TaTTGGaCGT ACTAAAGATA AAAATGGGTA CATCTTGGGT 1260  
 20 AGGAG 1265

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 756:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1111 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 756:

CATATACCCG GGTTCaAGA ATCCTCTATC CATATGGTCC CCCAATTTTG ATTCCACCAT 60  
 ATTGTTAAAT ATCACTTTCC CAGCCTACTT TTTTATnCAG TTGGGCTCTC TAAaATTGTT 120  
 35 TTGAAATCCA GGTtGAACAT ATTTCCAGTG TATGACCAAT CGAAACATTT GCACCAATAA 180  
 GGCCGCCAAT TTTTCCTGTA TCATCACCAG TAACATTACC GTTGAATCCA TAAGTTAAAG 240  
 40 TACTCATATA CTCTTTTGTA TCAATCGAAT TTCTTGATA GTAATCAGAT ATTTGAGCTA 300  
 CTTCAATTATC AGGTAGTTGC AACTGTACCT TAAAGGCTGA AGGCCAGGCT AAACCACTTT 360  
 TGTTAGCACC TTCTTCGCTA TAAACTCTAT ATTGACCAGC AATGGTACCT TTCGTTCTAA 420  
 45 TAACTAGCAG TTTTTTATTA TGATTTTTAT CATCGATAAA ACTATAAAAT ACTTTTTTGT 480  
 GCATGCCATT TTCTTTATCA TAAGTGACTA AATCACCTGT TTTTACTGTA GTATTGCTTC 540  
 CAATATCTGT AGTACCGGT TTAATATTAA TATCAGAATC TCGGGCATTa GCGACAGGAT 600  
 50 TCATTAATAT GGAACCTAGC AATAGTGTG TTGTTACTGA GCTGACTATA CGTGTTTTCA 660  
 TTTTCATCAT CCTTCTATTT TTTAAAACGA TTTGAGGAAA CAATAATCAA TATGTCAATT 720

55

GTAGCAACTG ATAAATTACT GAGTGATGAT GAGTGATTAT TTAAAGAATA TGTTTTTAAC 840  
 TTTTATTTAA AATTTGAAAG GAAGCATTTC AATTTGAGG GTTAGTCAAA GTTGAATAAA 900  
 5 TTCTTTATGA AACAAGGAAA AGACATAGCT AATTTtATTG ATTAATTTCT TAAAACTAA 960  
 TGATTTGTTT GATTTAAAAA TGTAATCGAT TACAATATAA AAATACAAAT ATCTTAGAAT 1020  
 TAAATCAATT AATTAACTAT TAAATAAAAA TTAAGTATAT ATTAAGTAGT GTAAATTAAT 1080  
 10 AAATAGAAAT AGAGAAAAAG GGTATTAATT A 1111

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 757:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 757:

TATCTATTGT ATGTAACAAT AGGTACATAA TATTTTTAGG GTGGGTATA TGAGCATAAT 60  
 25 TACAAGATTG TTAAATAACA GTGATTTTGA AAAATTAAAT CAACTATGTA AATTATATGA 120  
 TGATCTAGGT TATCCAACAA ATGAGAATGA TTTAAAAAAG AGACTAAAGA AAATAACGAA 180  
 TCATGATGAT TACTTCCTAC TGCTTTTGAT AAAAGAAAAT AAAATAATTG GTTTAAGTGG 240  
 30 TATGTGTAAA ATGATGTTTT ACGAAwAAA TGCAGAGTAT ATGAGAATCC TTGCGTTTGT 300  
 TATACATTCT GAATTTAGGA AAAAAGGTTA TGGAAAGAGA TTATTAGCTG ATTCTGAAGA 360  
 ATTTTCTAAA CGGTTGAATT GTAAAGCmAT AaCACTAAAT AGTGGTAATA GAGATGAnAG 420  
 35 ACATCTGCAC ATAAACTATA TAGTGATAnT GGGTATGTTA GCAATA 466

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 758:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 402 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 758:

CGTACAGCAT AACCAAATAC ATATCTGCCA AAATCGCCAT ATGCCCCAGT TCCTCTTCCA 60  
 50 TATTCGGTTG TCATTGAGTT TTAAATTTTA TCGATAGAAA AATGTAAATG GCTATCTAAT 120  
 TTGTTTTTTA AAGATTTTAT GTAATCtCTA TATTTAAATT CGAATATTCT TTTTATAACC 180

AACTAATATA TwCAATTGTA TGCCTAGCAT AATCTCTCAT TAAAATATGA GGATATACCA 300  
 TTCTTTATC AAATATtTCT TCATAAATAT AATTAGCAAT CTCTATATGT ATTtCACAAA 360  
 5 TGTCGATTCTG AAGTGTCGCC CCTAAAACAG rAGCATATAA TC 402

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 759:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 338 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 759:

AAGTTACTCA ACAGCCATTT GACACGTCTC GATTAGAGCG ATTAGGTATA ACCGAGCGCC 60  
 20 AAATAAAGA CATGTATCGT TTATTAGGAC TAGCCAAATA TGAAGATCGA TTTGTTATTC 120  
 CAACATCACA CAAAGAAACC TATTTAGATA CGTATCACGC ACAAGGTAGT ACAGGATACA 180  
 ATTACGGCGG CGAGCATTTT GGAGATAACT GTGAAGGCTG TGGCGTTGCA GTAGGTTTCA 240  
 25 GGAAACTGG TCAAGAAATT TATAATGGAG AATTCTATGG AGGGATTTCC GTGGTTAATT 300  
 TCGATAATTT AAAAAATATC CAAGAAAGTT TGGGTnnn 338

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 760:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 760:

CTCTATTATA TTTAGAGTTA TAGCTATTGC aGTTGTTTAT TTATTGAAAA TAAATGTACT 60  
 40 ATCATTAGtT TTAGCAAGTG TATTAGGCAG TTTgGTATct AGGCTACTAT TATCTATTAT 120  
 TTTAAATTTA CCTGTGTGGG TAGTGTGTGTT AAaCGCGATT CCAGGCGTAA TATTCACTTT 180  
 45 AATTGTAGcT ATTCCTTTAT ATCTCACATT GAGAAAAAGA ATGGCAGTAT TACTAAGATA 240  
 ATAAATCAAA ACACGGTCGT CACAATTACT GTTGGCGACC GTGTTTTACT AGCTATTTAT 300  
 TGTTTTCACT TTCTTTTGTA TCTAACAATT TCACTTTGTG ATTTTCCCAA TCAATTTTCA 360  
 50 ATGTTGaTTT AAATGTTCTA GTTTTAAAGT TTTTATAAT 399

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 761:

(A) LENGTH: 639 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 761:

10	GCATATnCAA AACAAATAGCT GCTTTAGGTG CGGGGGCTAT TAGCGTTATT TCTGCACTAA	60
	CAGGAGGTTT AGTTGGCGCA GGTGTTGGTG GTTTCCTTGG ATCTATAGCT GCATCGAATA	120
	TTGATACTAG TAAGGGAATA TATATAAAAT TAAAACTAA AAAGTATGCA GCCGGGGAAT	180
15	ACGTTCTGAC AGGAGAAAAA TGGGGATATC AGTAAGGGTG ATTTTATGGA TAGATTAAAA	240
	TATTCACCTA AAGTTGGAAT TTTAGCATT TATTATTTT GTACTTTAAA TTATTTAGTT	300
	CCAATGCAAA GCAATGCTTT TTCAATAATT ATATATTCGG CAATTTTTGC TGTGTTACTT	360
20	ATGCTTTTAG TTTATATATT TTTAGGAATT TTAAAGAAAT GACATGAAAC AAATTAGCAT	420
	TGGCTATGAA GAAATCTATG GGGATAGAAT TTTTCATAGC CATTTTTTAA AAGAGCATGA	480
25	AGTAAAAAAT TGGAAAACCG TCAATCAAAT AATTGAAAAA GAACACTTGG ACAAAAATGA	540
	ATATGnAAGC GGAACCGCCG TTATTTTCT TTTGCAGGAT CGTTAGATTA GATTnCGGTT	600
	GTATAGTATA ATGAAAAATA TTATAATAAA TTTATAAAA	639

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 762:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 852 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 762:

40	nTGTTTCGTTG TCTGGATCCA ACGTAAACAG TCGCTTCATC TAATACAATG ATAGGCGCAT	60
	CTTTTAATAT CATTCTTGCA ATAGTGA CTC GTTGTTTTTC ACCACCAGAC AATTTATCTC	120
45	CCACTGTACC AACATTGCGTA TCATATCCAT CTGGCAACTT TTCAATAAAT TCATGACATT	180
	GTGCTAACTT GGcAGCTTTT TCAACTGCCT CATCCGTAGC TTCTGGATTG CCAAGTTTAA	240
	TATTTTCTTT AAAAGTAAGA TTTAATAAAA AGTTATCTTG TCCAACAAAA CCAACTAAAT	300
50	CGTTAAGTTG TTTCGATTCA ATATCTTTTA TATTTATACC GCCAATCGTA ATTTACCTG	360
	AAGTCACATC CCAGTATCGT GATATAAGCT TGGCAATGGT TGA CTACTTACCG CTACCAGaTG	420
55	CCCCGACGAT AGCTGTGAAA TTATTTTCTG GTACTGTAAA TGATAAATGC TTAAAGACCA	480

GAGGCTTCTT AAATTTTGTT GACAATACTA ACTCTTCTAG ACTTAATATT TGATTCACTT 600  
 CAGTTAATGC GTATTGTATA GACTTTAAAT GATTTACATA ATTAGTAAAA TTCTTAATCG 660  
 5 GTGCTACTAC ACCTAAAGAT AATACGATGC ATAGGAAAAA TTCCGCATAG TTTAATTGGT 720  
 TGATAGATAT CAAATACATG CCGACCGGTA AAATCCCTAA AAATGTTGAA GGTAATACAC 780  
 TAGCTCCTAA ATTCATATAC CCCCATGTAT TTTTAAACCA ATTCAAAGTG TGAATCTTAT 840  
 10 AATTATCTAC TG 852

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 763:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 852 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 763:

CTCTTCATGC GTCATACGTT GTGTCGATTG ATCAGTTGTT TTGTCTAAAT CACTAGCTTT 60  
 25 AAATTTAGAT TGATTTGATT GACGTGTCGT AAATnGTTGT TCCTTTTGTT GCGCTTTGCC 120  
 TTTTTTCTT GATCTTATTA AAAATAAATT GATAACCCCA ACAATAATGA GCGCTAAAAT 180  
 30 AATGTAGCTA ATAATGAAGG TCGTAGTCAT TTAATGACCC CCTTAATTTT TATGGATTTT 240  
 TACTTCAGCG TTCaTTCCaG GAACAACCTG TTTAGACGGT TcTGATTCTA GAGTGATTTT 300  
 AACAGGTATT ACTTGAGAAA CTTTAGTGTA GTTACCATCA CTATTTGATG ATGGCATTAA 360  
 35 TGAAAAGtTG CAGCAGTTGC TTTTCCAATA CTATCAACTT TACCTTTAAT AGAAGCTTTT 420  
 TGACCGTCAA TAGTCACATC AACATCTTTA CCTACTTCAA CATCTTTAAT ATCTTTTTTCG 480  
 TCAATATTTG CTGTTACATA TAAATCATCT AAATTGTATG CATAAGCGAT TGGGTTACCA 540  
 40 GCTTGCACCA TTGAACCTTC CATACCATCT AATTGGCAA TTGTACCTTT TTGAGGCATT 600  
 TTAAGATCCA TATCTTTTCGT TTCGCCATCT TGACCTTGTA CAGTAACAAT TGCTACTTTG 660  
 45 TCACCTTTAT CGAGTTTGTC ACCTTGTTTA ACATTAAGTG ATTTAATTTG TCCAGATGCA 720  
 GGACTTGCTA TTTTAATTTG ATCGCCATTT ACTTTTGCAT TATCAGTTGT TACATAGCTT 780  
 GTTGTTTTAT TCCAAAATA AAAGCCAGCA ATCCCAATGG CTAACnGTAC AACAAACGTA 840  
 50 ATGACATTnA AT 852

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 764:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 747 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 764:

	ACATATTCGA CATTCAATTTT AAATTGCATA TAACTACATT AACCATTTCAT TGTGCAGCGC	60
10	CTGTTGTTTA GATGATCATT TATTGACTTT TTGCTCTTAT nCCAnGCAAT TTTTGTATTT	120
	ATTGCTTATA ATACATTTTA AGACAAATGT TTGTTTCAAC ATCGCATGCG ACATCATTA	180
	yTATTCATTT AAATTTATCC AGTTTCTATT TGTCTGCAAT TGCTGAAAAT TAAAGGAGCT	240
15	TATTTTAAAT AATGGAACAA ATTATCACTG AATTTATTAG CCGTTTTGGG TATGCAGCCA	300
	TTTTTATATT AATTTkATkA GAAAATGTAC TACCTaTCGT aCCATCGGgA AATTATTCTG	360
	ACATTTGCTG GTCTTATGTC TGTTAAATCA CATTTATCAA TTTTAACTTT ATTTATTATT	420
20	GCAACTATCG CATCGTTTAT AGGGCTGTTA ATTTTATATT ATATCTGCCG TTTGATTTCA	480
	GAAGAACGTC TATATCGTTT TATTGATCGA CACGGTAAGT GGATTAAATT GAAAAGTAAG	540
25	GATTTAAAGC GAGCAAATGA TTGGTTTAAA AAGTATGGCG TATGGGCTGT ATTkATCTGT	600
	CGTTTCATAC CTGTATTACG TGTaTGATT ACCATTCCAG CTGGTGkaAA CCGCATGAAT	660
	GTTGTGACaT TtACCGTTAT TTCATTAATA GGTACTACAA TCTGGAATTT CGGTTTAATT	720
30	TTACTAGGAC GCACTTTGAG CGATAGC	747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 765:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35	(A) LENGTH: 820 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 765:

	TTTACCTTTT AACCAATCAT GCATTAATGC AATGTGTACT GTCTTAACAA ATGTTGCATA	60
45	TtCATCTTCT GCACTCCACT TTTCAATTC CTGTTGATTA ATGGCATGTT TTTCTCCATT	120
	TTCCAACATA TTGACATACA ATTTATAATG TTTTCAACT GCCTGAATAA AAGCGAGTTG	180
	ATTTTTATTT AAATGTGATT TTAACTTTTC TAAATCTGAA TTAATAAAGT CTTCTATAGT	240
50	CGAATAAGAC ATATCTTGGT ATTCAACTAC TGCATTAATT TCATCTAATA ATTGCGATTG	300
	TGATTTTAGC GTTATATAAC TCTCGTCTCC ATAAGATATT TCTGTAGTAG CTGCTGTAGT	360
55	AGGATTTGGA GAACTGACTA AAATATGCTC GCCTAATAAT GCATTTATCa AACTACTTTT	420

TGTTCGTGG ATATCTTGCT TTGTACGCTT GAACAAAGGC ACATCCGAAA TTATATCAAG 540  
 CGCTTTTGA ATATCTATAG ACATATTTGT TGTAGCTGTA TTTTGATTGA GCTGCTGATT 600  
 5 ATCACGATTA TCCTGAGCAT TATCAGTAGC CACTTGATAT GTTGTCTCTT GTCGACCTAT 660  
 TAATTTATCT AGAGATTCAT CTAAATGAAT ATAGTAGTGA CGATAATTCT TAGTCGTCAA 720  
 TGA CTGACGC AGCTCATTTA ATTCTGTATA ACGTTGATAT TCTTTTAAAT CATCACTTTC 780  
 10 TTCTGTTGGn AATTCATCTG CCTGCACATT TTCTATnATT 820

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 766:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 672 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 766:

TCAACATGAC ATTAATTTAA TAGCGATGCA TACAAATTTA GATGTAAATC CGTATGGTGT 60  
 25 CAATATGATG TTGGCGAAGG CGATGGGTTT GAAGAACATT TCAATAATAA ATAATCAACA 120  
 AGATGTATAC TATAAAGTTC AAACATATAT ACCTAAGGAT AATGTTGGAC CATTTAAAGA 180  
 TAAGCTTAGT GAAAATGGAT TAGCGCAAGA AGGTAATTAT GAATATTGTT TCTTTGAAAG 240  
 30 TGAAGGAAGA GGGCAATTCA AACCAGTTGG TGAAGCTAAT CCAACAATAG GACAAATTGA 300  
 TAAAATTGAA TATGTAGATG AAGTTAAAT TGAATTTATG ATAGATGCAT ATCAAAAGTC 360  
 35 AAGGGcTGAG CaATTAATTA AACAATACCA TCCATATGAA ACACCGGTAT TTGATTTTAT 420  
 TGAGATAAAA CAAACATCCC TTTATGGACT TGGCGTTATG GCAGAAGTGG ATAATCAAAT 480  
 GACATTGGAA GATTTGCGAG CTGATATTAA ATCTAAATTA AATATCCCAA GTGTCCGTTT 540  
 40 TGTGTTGTAk TCTAATCAGA AAATTAAACG TATTGcAATT ATTGGTgGTT CAGGTATTGG 600  
 ATATGAakAT CAAGCtGTCC AACAAGGcGC AGATGTCTgT TACGGTGATA TTAAACATCA 660  
 GATGCCTAGA TG 672

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 767:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 403 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

GAAAAAGTTA AACCTACTGT AACTACAACA AGcmaAGTTG AAGACmATCa CTCTACTAAA 60  
 GTTGTmAGTA CTGaCACAAC AAAAGATCAA ACTAAAACaC AAAGTCTCA TACAGTTAAA 120  
 5 ACAGCACAAA CTGCTCAAGA ACAAATAAA GTTCAAACAC CTGTTAAAGA TGTGCAACA 180  
 GCGAAATCTG AAAGCAACAA TCAAGCTGTA AGTGATAATA AATCACAACA AACTAACAAA 240  
 10 GTTACAAAAC ATAACGAAAC GCCTAAACAA GCATCTAAAG CTAAGAATT ACCAAAACT 300  
 GGTTTAACTT CAGTTGATAA CTTTATTAGC AcAGTtGCcT TCGCAACACT TGCCCTTTTA 360  
 GGTTCAATTAT CTTTATTACT TTTCAAAGg AAGaatCTAA ATA 403

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 768:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 483 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 768:

TTCAATGCTC GTTTTGCTTG CGTTAGTAAT TTCTAACATA TTCATTCACT TTTGGAGCC 60  
 TAAACTATCA ATCACCCTC AAATCATCAT CGTTTTGATT TTAATTGAAG CACTAATTGG 120  
 30 ACTGCGTTTC TTGAAAGCGT ACGATGTTAA GCGTGGCAAA GATAAAGAAA ATAAGAAAAA 180  
 TAGTAAGGAT TCGTTAAAC TAAATCAAT TTTAGTAGCA ATTTTATTTA CATCATTGGC 240  
 GCTGACAGCA GGTACTGTAG CTGATATATA CGGTTTCACT GACTTAGGAA ATACTAGAAG 300  
 35 TGATTTAATC GTTTGGAGCA TAGGTGGTAT TATATTGGC CTCGTATGTT ACACAATGGA 360  
 AGATAAAGA TAACGATAAG GAGCTGGCGA TTATAAGCT AGCTCCTTTT TTAACTTaTA 420  
 TATGTAAAGA aCTaTCCTAA GGGkTTTTAA TCATATGTCA ATAATTTCTA TAATACATTA 480  
 40 TTA 483

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 769:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 769:

ATTATATGTC TGATGTATTT CATGTCGTTA AAAATAAAGG TACGGAAGAT TTAAAGAAG 60

GGATGATGCT TGAAGGTGAA AAAATCAAAG CTTTTTATGA AGATATGCCA CCGTATCAGA 180  
 CTGTCAAAAA AGGAACGATA CAAATTAAGC GTGATGGCAC ACCTATTATC CTATTAAATG 240  
 5 TCATTATACG CThGTAGCTA CCCGCAAATC GGTACAATCG CAGTTATCAT TTACGAATTA 300  
 GCACAAAACC GCAGGATCAC GTTGAATTCC ATTATAGTAT TTACGGCTGA AGACTGTAAG 360  
 nTAnACTGGT AACCATATCA TGGATGATTG ATCATAGATG 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 770:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 750 base pairs  
 15 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 770:

ATCTCTTCTA CTTCTTTTAC AAATTGAGAA CGTCTTAAAA TGGCTTTCAC ACGGGCAACA 60  
 ACTTCTCTAG GTkAAAAAGG CTTAGTCATA TAGTCATCGG CACCTAATTC TAAACCTAAT 120  
 25 ACCCGATCAA ATTCATCATT TTTCCGCCGT AACATTAATA TAGGGACTAA ATTTTTATTT 180  
 GTTCTTACAG TCTTACATAC GTCAATGCCA TCTTTTTTTAG GTAGCATAAC ATCTAAAATA 240  
 ATTAAATCTG GCTGTTCACT TTCTACCTTT TCTAAAGCCT CATCACCATC AAATGCGACA 300  
 30 ACAACTTCaT AACCAGCTGk TTCTArGyTA TATTTAAGTA ATGgTTaCGa TTGaATGtTC 360  
 GTCATCTACT wCCaACACTT TTTGCGACAT GGtATGCCTC CCTAACTtAk AATTATATTT 420  
 35 cATTATAACC GAACTATTTA TAAAAATAmC ATCCTACACA TTATCTTTAC ACATTTTTTTA 480  
 CATTACTTTA CATATAAATA AAATACTTCT TATATTTTCCT TCTmTCATTT GCATGACTTA 540  
 CTCTGGGACA ACGAAATAAA TTTTGTAATA ATAGCATTTT TATCCCACTA CCTATGCATG 600  
 40 AGTTTTACTC ATTTATTCCT AAGCTTATGT ACATATTCGC TTTGTCTAAT GTGTAAGAAA 660  
 CACTACATAA TCAATCATTG GTGACTCTTT ATTATTTCTA TCCTGTTGCC AaCTTCAATT 720  
 CATTTAAAAA GGCGAACCTA GCAATTAAAG 750

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 771:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1462 base pairs  
 50 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATTTAATTAT TATTTTTCCA AATCAATACG ATATAATTTT ATGTTTTTAT CTTTTGGTGC	60
	TGaGGCAAAT TGATAAGtCG TTTTGCCTTT TTCAATATAT CCAAAATTAC CAGCAACTTT	120
5	GCTATATTCC GTATGTGTTA CTGCTTTGCC AACATAATTT TTAACAGCTT GATATGTTGG	180
	ACCATTAGCA TCATTATACA TCATTGAAAT ATGAGTTACT TTACCATTGT TTTTCTTACC	240
10	ATCAGTAGTT ACTAATAACA TACCTTTTTT AGTATGGAAT TCGTAATAAT GTTCAGTTCC	300
	ATCTTCATTG TAAGAATACA TCGGATTTTT GTACTTAGTT AAAACATCTT TAATAGATTG	360
	GCCAATTTTC ACATTTTCTA ATGACTGATC ACCCTTAATT AATTGTTTAA CAGTATCAAT	420
15	AGAGTTGCCA CTGCTGCTT CGGCACTAGT GTTCACTAAG CCTACTCCCA TTACAACAGA	480
	ACATGCAATT AACTTGCCG TTAGTAGCTT TTTCATAAGC ACTCTCTCCT TTTATTTATA	540
	TCGTCTTG TG CTCACAACCA TTATACAACA ATCATTCTA AAACAACAGT CATATTACAA	600
20	TTATATTACA AATAATAATT ACTACTTTTA TATTTCACTT ATCACTAAAA ATTAAACATG	660
	CTTTTCATCG TGATGTTTGT TGATAAATGC AGCTGTATCT TCGACGAATC TTTCTTGCTC	720
	TTCAACAAAT GGGAAATGCAC TTGATTCTTG ATATACTTCA AAGTCCGCAT TTTGGATTAA	780
25	ATCAGCTACT TCTTTAGCTT CTAATCTTGT TGTCTTTCA CCGAATTCTC CTGCAATAAT	840
	TTTTGTGGT ACTACGACAT TTCTATAAGT TTGAGAAATA TCAGCGTTTT TGAATACCTC	900
30	TTTAACTGCT TGAATTTCTT CTTTAGTTGA TATTTCAATT GTATCTACGA CATGTTTGAG	960
	GAATCGATTG ATTTTCTCG GACGATAATA CTTACGCTTA TTTAAAAATT TAwCyTGtTT	1020
	TTCaGGATCC CaGTTtCGAA TAATATGGGC ATaTTTTCTA AATAAACGTT CTTCCGGTAA	1080
35	TTACCTTCA ATAGATGTTG GATTTACCAA CGTAAGTGAT GATGTAAATT CAGGATAACG	1140
	TACTGAAATA TCCGCACCAA TGATTCCACC CATTkCATGG cATACAAATG CAACTTCTTC	1200
	AATATATAAA TATTTAAGTA ATTCAACAAT GTCATCAGAA AAATCTTTTA TTTCAATGTG	1260
40	ACGAGGTTTA TCAGAATAGC CATGTCCACG TAAATCAATT AACACAACCT GAAATGATTT	1320
	TGCTAATTCT GCTGCTAATT TATTAAACAC AGAATAATTA TCAAGTACAG TATGAATCAA	1380
	TACGATAGGA TAGCCTTCAC CTAAnGTACT GTAATGTATC GATGTTCCAT CTTTTCTAGT	1440
45	AAATAGATCC ATAATTTTCT CC	1462

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 772:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 704 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 772:

ATTATTATAA GGAGTTATCT TACATGTTAA ATCTTGAAAA CAAAACATAT GTCATCATGG 60  
 5 GAATCGCTAA TAAGCGTAGT ATTGCTTTTG GTGTCGCTAA AGTTTTAGAT CAATTmGGTG 120  
 CTAAATTAGT ATTTACTTAC CGTAAAGAAC GTAGCCGTAA AGAGCTTGAA AAATTATTAG 180  
 10 AACAATTAAA TCAACCAGAA GCGCACTTAT ATCAAATTGA TGTTCAAAGC GATGAAGAGG 240  
 TTATTAATGG TTTTGAGCAA ATTGGTAAAG ATGTTGGCAA TATTGATGGT GTATATCATT 300  
 CAATCGCATT TGCTAATATG GAAGACTTAC GCGGACGCTT TTCTGAAACT TCACGTGAAG 360  
 15 GCTTCTTGTT AGCTCAAGAC ATTAGTTCTT ACTCATTAAC AATTGTGGCT CATGAAGCTA 420  
 AAAAATTAAT GCCAGAAGGT GGTAGCATTG TTGCAACAAC ATATTTAGGT GGCGAATTCG 480  
 CAGTTCAAAA CTATAATGTG ATGGGTGTG CTAAAGCGAG CTTAGAAGCA AATGTTAAAT 540  
 20 ATTTAGCATT AGACTTAGGT CCAGATAATA TTCGCGTTAA TGCAATTTC A GCTAGTCCAA 600  
 TCCGTACATT AAGTGCAAAA GGTGTGGGTG GTTTC AATAC AATTCTTAAA AGAAATCGAA 660  
 GAGCGTGCAC CTTTAAAAC CGTAATGTTG ATCCAGTAGA AGTA 704  
 25

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 773:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 427 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 773:

GACCACGACA CCACAAGCTA TGAAGAATGC CyTTGTTAAG CCGCcTTTGa ATTGCATAGA 60  
 GATGAAAATA CCAATATTAA TAAAGAAGTT ACAGAAAATA CCTTTTGTA AAATATTCAA 120  
 40 CCATGTTGAA TCAACAGTCT TTTTCTGAAC TAAAGCTGTT AAAGCTTG TG TCATTT CAGG 180  
 TGTCATGACA TGCGCAAATT TCATTAAGAA AAATAACACA AACCACCTA AAATATTTCC 240  
 45 TAAGAAACAA TATAATAAAA TCCAAGTCAT CTTCTTAACA GAAACGACTT TATAATACCA 300  
 GCCTACTGTA AAGTACATGA AGTTACTTGT TAATAATTCA GAGTTAGTTA ATACAATAA 360  
 AATCAAACCT AAATAAACG CAATGGCTCC CATTAAATTG ATAAGTCCAT CTACGTGAGT 420  
 50 ActCGCA 427

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 774:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 400 base pairs  
 55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 774:

	AGGTGAGCAT TATTAAATAT TGCCAAGAAA TCAAAACTAA AACTATGCA AAAGATGTAG	60
10	ATATATTATT TATTCTTGGC GGTGATGGCA CGGTTAACGA ACTTATAAAC GGTGTTATGA	120
	CACATGACCT TCAACTCCCT ATTGGCATT TACCAGGCGG TACTTTTAAT GATTTTACAA	180
	AAACGCTAAA TATAGCACCT GAATCATAAA CAAGCTAGTG AACAAATGGA TTTCTGCACA	240
15	AGTTGGTACA TACGATGTAA TTGAAAATGA AATGAATCAA TATGCACTCA ACTTTGTGGG	300
	CTTAGGTCTC ATGTTCAAAA CGCGGAAAAC GTACAAGAGG TTCAAAGAT GTATTGGGTA	360
	AATGGAGTTA TATTGGGTCC ACCGTCCAAA ACnCGGChAA	400

20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 775:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 484 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 775:

	AATTATTCCT CAATAGGAGC ATTACCCGCT CTCTACCAA TTCCCAAAA TGTAGTTTCT	60
	ATTTGCTTTG CACCATTAA AATTGCAGCT AATGTATTTG CAGTAGCCAA CCCTAGATCG	120
35	TTATGACAAT GAGCAGAAAa AATTATGTGA GAATATTTTT TTACAAAGTA ATTAAAAATA	180
	TCTCCGTATT CTAATGGTGT CGAACATCCT ACAGTGTCGG CAAATGTAAC TGTCTAACT	240
	TGATATTTTG AAATAATTTT CATGTATTCT TTCAATTTTT CTCTAGAAGT CCTTGTTCCA	300
40	TCTTCAAAAC AAATATCTAC TCCTTTTTTA TCTTCTTTA ATATATCCAA GCAGTCTTTG	360
	ATTTTCTGAA TATAATATTT ATTTGAAAAA TTAAGCTTTT CTTTATATG CAAGTCAGAT	420
45	ATTGGCAATA GTATTTtTAC CACTAAATTA TGAATTTtCA ATtTGACTAT TTTTgGTATG	480
	TCnT	484

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 776:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 788 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 776:

5 CGCAAGATGA AGTTAAAGAA CTTAATCGCT TATTAGGTAA AGTCATTCAT GCATTTGATG 60  
 AAACAAAGGA AAAATAATTA ACTTTTGTCA TGACAATTAA AGTAATGTTT AGAATTTATT 120  
 AAGAATAGAA AAACAATTAG CACGCGTAAC TTGTTAGTAA AAAAAGTCT TGAAAGGTTT 180  
 CTTAGCCTAT CAAGCAGTTT TTTTATGCAT TATATTGAAT CATATTCCAT AAAGCACCTT 240  
 10 GATTAGCTAG TAATTGTTGA TAGTTTCCCT TTTCAACTAT TTTACCATT ATCATCACAA 300  
 TGATGGTCTC AAAACGTGAC AATAAAGTTA AATCGTGTGT AGCAACAATT AATGTTTCTG 360  
 CATGTGCTTC AATTAAATCC ATAACCTTTA AACTATTTTG TTTATCTAAT GCAGTTGTTG 420  
 GTTCATCTAA AATCCATGTT GATGCAGTAT CTTTAAATAA CATCCTCGTA ATCGCTAAAC 480  
 GCTGAATTTT TCCGCCAGAT AATGTATGAC CATCTAAGTC AATTTGACGT tCTAGTGCCA 540  
 20 AATGTTCTAA ATCTAATTGC TTAAATATTG CTTGCACCGC TTCATCTTTT TCATCGGTAA 600  
 ATAAATTTTG ACGTATTGTA CCATCAAATA ATTGTTGAGA TTGTAGCAAG ACATTTAACG 660  
 ATTCAAACCTT ATCTTTGTcA TCTATTTCAA ACATATCCAT ATTTTCGAAA CGAACAGAGC 720  
 25 CACTATCTAA TTGATATAAC CCTGCCATAA TTTGTAGTAA TGTACTTTTT CCTGAACCAG 780  
 AAGGACCC 788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 777:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1145 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 777:

40 TTACAAAAGA AATGCAACAA AATTTTGA TCATTACATT TTTTATAAA AATTTCACTT 60  
 TAGATTCACA ATAATTACTT ATTTTGTC AA TTTATTTAAT GTCAATATGT TGATTAATTA 120  
 ATAGTGTGT CTAATGTATA TAATATTTAG GTCATCGTTA TAGTCAACAA TAATAAGGTA 180  
 45 TTTGAGTTG AAATTTATCT TATTATTTTT CCACTTTTAC GTGCTATCCC ATTACACAAA 240  
 AACAAATAAG TAAAGATATT AAGTACAAA AAGTGAACA CCTGTAGAT GCTCCACCTC 300  
 AATTATATTA AGTTATATTA TTTTGCTGCT TGGTATAATT CATCAACTTT TTTCCAGTTA 360  
 50 ACAATGTTCC AAAATGCAGT CATATAGTCT GGACGTTTAT TTTGATATTT CAGATAGTAG 420  
 GCATGCTCCC AAACATCAA TAGTAAGATT GGTGTTTTGC CTTCTGTAA TGGATTATCT 480

55

GATCCAAATA ATGTTGTTGC TTTATTTGCA AATTCATTTT TAAATTCATC TAAAGTGCCC 600  
 CACTGCGcTT TGATGTCATC TATTACGCCA CCTTTTTCTT CAGAATTAGG TGATAGTATT 660  
 5 TCCCAGAATA ATGAATGGTT AAAATGACCA CCGCCATTAT TACGGACTGA CATCCTCATC 720  
 GCTTCCGGTA CCTGTCTAA GThAGCAATC ATATCCGCTA GTGATTGATG CTCTAACTCT 780  
 GTTCCTTCAA CTGTTGCGTT TAATTTCGTC ACGTACGTAT TGTGATGTTT GTCGTGATGA 840  
 10 AACTCCATTG TTCTTTGATC TATATATGGT TCCAATGCAT CATATGCATA TGGTAAATTT 900  
 GGTAATTTAA ATGCCATAAG TATATTCCTC CTTTTATGAA TATACTTTTA TAATAATTAA 960  
 TTTTGGGTGT GTTTTGCAAT AATTATTATT TATTTGTTAT ATCCAATTAT ATAAAATTTA 1020  
 15 AATATTCGAA ATTGATATAA TATTTAATAT TGAATGCAAA AAGGCATTTA ACTGCTTTTG 1080  
 TTTCCCGCTT TTAAAGAGAA TTAAAAAAGA CAACTTCCAT TTTTCAATAA GAAATTGCCT 1140  
 20 TTTCT 1145

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 778:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 902 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 778:

AAAAGAGGnC CAATATTATC AATATACGGC CGGAAGATTC CCTTTTTCTT CTCCACTTAC 60  
 TAAGCCCATC AATGGTGTAT GTTATCaATT GGTGCTATCC GCATTAAATA ATTATCTTCA 120  
 35 ATTGTGGTAT CAAAGCTATT CGCTTTTTCT CCAATAATGT CTTTACCATA TTTATTGAAT 180  
 GCACCTACTA AAATCAACAT AAATGGAATT AACAGGTTA CTACAATTGC CATTCTTATA 240  
 40 AATTGTGGTA TATAAGAAGG TCGCCAATTT AAAGCTTTAA TACCTTCTTw TCTAAATGGA 300  
 GTTTCTATAA AGCGATATGA TAGCTCTGCA AATATAATTG TTAAACTTAT ATCTATAAAG 360  
 TACACATATA CAGGTATCTG TCCGTCTACA TAGTAACTAT GTACGAAACT AATTACTGCA 420  
 45 AAATGCCATA AATATAAACT ATAAGACCTT TTCCCGATAA ATACTAACAC TGGATTTGAA 480  
 AATATCTTCG CtATCCATGT AGATGGATGA ACGACACTAG CAATAATAAA TAACGTTAAT 540  
 ATGGATATTA AATAGAAACC ACCATCATAT ATCCAATTCG TCTCATCATT AATAATGAAA 600  
 50 AATAATAATA TAAGTACTAT AAATGATAAA CTACCTATGC TATCAATAAC ATATTTTACA 660  
 ACTTTAGGTG GATCATTTTT CAATTTAAAC GGTGGCCATA AAAAAGCTAA AATAACACCC 720

ATACTATAGA TAAACATCAT TAACCCTAAA GAAATTATTG ATACTCCCCA AAAAATAAAT 840  
 CCTATTTTGT ATCGCTTTTT AATTGTTAAC AATAATGTAA CCAAATAAC TGGGAAAAAT 900  
 5 AT 902

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 779:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 779:

GGAATTAGTT TCCTAATGAT CAAACCATAA CCATTAGCTT TTAATGATGT TACGCCTTTA 60  
 AAGATTAGAG GATGATGACT AATAATAGTA TTATAACCTT TTTCGATTGC TTCATTTACT 120  
 ACTTCCAACG TACAGTCTAA TGCTGTTAAA ACACCAGTAA CTTCAACATC TTCATCACCT 180  
 ATTAACAATC CTACATTATC CCAAGATTCA GCAGTACTAA ATGGCACATG ATGATCTAAC 240  
 AATGTCATTA AATCAGCTAT TTTCATaCTA TAACACCCTT TCAATTACaG CAATTTTCGTC 300  
 aTTAATTTGa GCTAAAcGTT GakGAKGTTG TTCAGTawTG AGtTTCGaTT TAAtATGATA 360  
 AAgTGCyTct AACTctCTTT GcCATTTtTT TATAAAATAT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 780:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 780:

GTTCTGTTT TAACATCAAT ATCTATCTTT TTAATATCTT GAACATAAAG CAGATTCAGT 60  
 TGGCTAATAT TTGAATTTAT GTTAATCACT TTTTTCGTTT CATTTTAAAA ATGTACTGTG 120  
 TAAGTnGCTT TTTTTCGATA TTTTAATTCA CGTTCCCCGA TACCTCTATC ATGCTTCAAT 180  
 ACTGaTTTAA CTTTTTTAGA GATATCTTTG TAGCCTACAC GTGGGTCACC TGTAATTTT 240  
 AAATCTGaTA AAATTGGTGT TGATGTGCCA TTTACTGCAA TTGTGTATGG TACATATCTG 300  
 TCTGCTTTCG CTTTAGTTCC TGTTTTAACA GTAATTTCAA TTCTCTTAAC ATCTTTCGCA 360  
 TGAACAAAGT TTGCTGTGTA ATTTTTTGAA TTCAACTGTA AGATTCTTTT ACCACCATT 420

CTATCATGCT TCAGTACTGA TTTTATTGTA CTAGTTAAAT TTTTGTAATT TGTCCAAGGT 540  
 TTATnTGAAA ATGAAAG 557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 781:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 475 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 781:

TTCTGATAAC ACAACTTTCT TGGACCAAGT GACAATGGTA AAGTTGATAT TCTCAAAAAA 60  
 TATATTTTAT TGAAAAGGTA ACTATATCGA CCGCTCTGTG CGACTTGCTG TG TAGAAACA 120  
 TCAAGCCCAG CTTGAAACTT CATATAAACT AATAACTTTT GATAAATGCT ATTCCCAATT 180  
 TGTTCACTACT GCTCCAAGTT ATCATTAAAT CTAAATTTAA TACTTACTTC ATTTTTAACT 240  
 GGAATAAAAT GTACATCACT CGCTTTCATT TCTATCGCTT TATTAATTAT TTCTTGAAAT 300  
 AGAATCTTCA AAAAAACACC TCCTACATAT AATCACGTAG GAGGTGTTTT TATTACTTCA 360  
 ATTTAACCGT GTAAAAATGG ATTTAATTGT TCATCATCAA CCGTCGTATA TGGACCATGT 420  
 CCAGGGAATA AAGGTAAATC GCCTTCTAAT TCAAATATTT TATCTTGAAT AGAAT 475

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 782:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 782:

ATGAATATCG GTGCAGGACG TATCGTTTAT CAAAGTTTAA CTCGAATCAA TAAATCAATT 60  
 GAAGACGGTG ATTTCTTTGA AAATGATGTT TTAAATAATG CAATTGCACA CGTGAATTCA 120  
 CATGATTCAG CGTTACACAT CTTTGGTTTA TTGTCTGACG GTGGTGTACA CAGTCATTAC 180  
 AAACATTTAT TTGCTTTGTT AGAACTTGCT AAAAAACAAG GnGTTGAAAA AGTTTACGTA 240  
 CACGCATTTT TAGATGGCCG TGACGTAGAT CAAAAATCCG CTTTGAAATA CATCGAAGAG 300  
 ACTGAAGCTA AATCCATGAA TnAGGGCATn GGCCATTTGC ACCGGGGCCT GGCCGTAATA 360  
 AGCCAA nGGA CCGGGCCAAC CGTTGGGACC GGGAAGAAAA 400

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 810 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 783:

10 GATTAATGTA CTCGTGTACA TAACGTTTGA AGTATGATAA ATAGATATAG AAATAAAGTC 60  
 ATATGTGACA TCAATTAAAT GATGTTCAAA TGACAAGATA CAATAGAGGA ATGTTTGTA 120  
 15 TAAAAACGCT TCATATAAAG GTCGAGTCAA TATATGATAC GACTTTATAT GAAGCGTTTT 180  
 ATTTGCTATG AGCTAGTATA TTTTATAATA ATTTTCTAT TTCTCTTTCG ATTTGAACAG 240  
 GTTTTTTTTG AGGTGCAAAT CGTTTAACAA CGTTACCyTC GCGATCCACT AAAAAGTTAG 300  
 20 TGAAATTCCA TTTGATTTTC TCATTAAAGA ATCCGTGTTG TGCCGCAGTC AAATATCTAA 360  
 ATAAAGGTAA TTGATGTTCC CCTTTTACGT CTATTTTTTG ATGCATAGGG AAGGTAACAC 420  
 CATAGTTTAA TTTACAGTTT TGAGCTGCTT CTTCGCCTGA ACCAGGTTCT TGGCCACCAA 480  
 25 ATTGATTACA AGGGAAACCT AGAATTACAA ACCCTTGATC TTTGTATTTT TCGTATAATG 540  
 ATTGCAAACC TTCAAATTGT GAAGTAAAGC CACATTCGCT AGCTGTATTA ACAATTAGCA 600  
 30 TAACGTCACC CTTATATGCA TCTAATTGT AAGTAACACC TTTATTTGTT TCTACTACAA 660  
 AATCATAAAT TGTCTCCATT GTATCATCCT TTCGATTTAC TTAAaATGTA CCaCAAATC 720  
 GTGTAAtAGT CTkTACTAaA ACTCTATGAT AGAATACTTT GAGTAGGATT TTATTAAGGA 780  
 35 GATGTATAAC ATGGnTCAGC AACAAATTCA 810

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 784:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 788 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 784:

AAATTCATTG CAGAAAACAT AGATAAATAA ACAAATTGAC TTAAACGAG CGTTGCAACA 60  
 50 TATCTCGAAT TGTAAGGAG CTTGAAAATG AATAAAATA TAGTCATTAA AAGCATGGCA 120  
 GCATTAGCCA TTCTAACCTC AGTAACTGGA ATAAATGCTG CAGTCGTTGA AGAGACACAA 180  
 CAAATAGCAA ATGCAGAGAA GAATGTTACG CAAGTTAAAG ATACAAATAT TTTTCCATAT 240

ACCAATAAAC ATGTATCAAA AGATTATAAA GTTGGCGATA GAATTACTGC CCATCCAAAC 360  
 GGTGACAAAG GAAATGGTGG TATATATAAA ATTAAAGCA TTTCTGATTA TCCGGGTGAT 420  
 5 GAAGACATCT CTGTCATGAA TATTGAAGAA CAAGCAGTCG AACGTGGACC AAAAGGCTTT 480  
 AATTTTAATG AAAATGTCCA AGCATTCAAT TTTGCGAAAG ATGCTAAAGT TGATGACAAA 540  
 ATTAAAGTTA TTGGTTACCC ATTACCTGCT CAAAATAGTT TTAAACAGTT TGAATCTACA 600  
 10 GGAAGTATAA AAAGAATsAA AGACAATATT TTAAATTTTG GATGCCATAC ATTGGAACCC 660  
 GGGGAATTCA GGGATCACCA GTTCTAAATT CTAACAATGA GGTTCATAGGT GTGGTGGTAT 720  
 15 GGGCGGGTAT TGGGAAAAAT TGGGTCTGGA AATAATAATG GGTGGCCGTA TACTTTACGC 780  
 CTCCaAT 788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 785:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1023 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 785:

CAATATTTTA GAAACAaTAA TTAAGTTGCG ATGAACAAAC TATTAACAAT AATCTTGAGT 60  
 ATTATATTTA TCTTAATTAA TAATATATTT ATTTAAGATT ATGTTACTTC CAACTTTCAA 120  
 AGTAGAAAAA CGGTATAATT TGTGATGGG TGTTTATTGA TAACTGCAA AAAATACAGC 180  
 35 CTACAACCAC ATAGATTGTA GACTATATTT AAAATAATAG GTATTTATCA TATCTCGTAA 240  
 ACTTAGTGCC AATTTTATA CTCGTGGTGC TGGTAAGCTA CCCTTAAATT CAGGAACGTA 300  
 GTGTGTaGGG CTATAACTTG GAACAGCATA TTGATAATTT ACATTTTGA TATTTAATGA 360  
 40 TGGTTTCCCA ATTTTATAAC CATTTGATTG TGAAAATGAG AAATAkTTCT TCACACCTTT 420  
 AACTACTTTA TAAGAATAGA AGTATTTATA GTCATATGCT TTATTTACTT TAGCATTTTG 480  
 45 ATGTGTTGCT GTTGTGTTAT TTTGGAAACT TGGTACATGC ATACGATGTG AATTGTGACC 540  
 ATATGGTGGA ATTACCTTGA AACTATTTAT TTGTGGCACA ACACAAAAGT GATTAATTTT 600  
 AATGCTAGCA TGCCCTGGTG TAACAAATTT ATGCGCGTGA TATCCAGGAA CTGCAAAATG 660  
 50 ATGCTTGATA ATTAAAGATT gAGATGGATG TGTATATCTA GGCGATTCTG ATGGTTTAAC 720  
 AATAAGTGT TTATTAATAG AATCCTTTGC ATGATTTACA TGTTTATGTA CATGTGTTGA 780  
 TTTGTATGAA GTAATAACTT TCTTGTAGTG GGTTCGCGTA GTAATGAAGT GGTGGTTTAC 840

TTGTTGTGAA GCTGGATTGT TTGTTGCTAC ATTCACGCGA TTATTGATTT CTTTGTACTC 960  
 TGGCACAATG TTTCTAACT TTGATTCTGG nACGACAAAG TTTTATCTA CAATTTTACT 1020  
 5 AGC 1023

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 786:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 487 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 786:

TCAAGTTTAT TCGCTTGTTG GAAAGCTTTA ACTTGATTTT CTAAAGCTTT ATCAAATTGC 60  
 20 GTTGATTCAT TATCAACTTT ATAACCTAAA GCTGATAAAC CAATTTTAAT AGTTTAAATA 120  
 TTTTATCAT CGTCTCCAAC TTAAATGTT TTCGTATTAG GAATGACATT TAAAGATTGA 180  
 TATTTAGGTG TGTCAATAGT AACGTCTGGT TTAATGCCTT TACCGTGAAT ATAATGACCA 240  
 25 TCTGGCGTTA ACCATTTTAT TTCAGTATAT TTTAACAATG AACCATCCTT AAACCTCTCTT 300  
 GTAGTTTGTA CGACACCTTT GCCGAATGTT TTTGACCCAT AAACCTTTAGC TTTATTATAG 360  
 TCTTTTAGCG CACCAGTAAA CACTTCAGAA GCGCTAGcTG AACCTTCATT CACTAAGATG 420  
 30 GATATATCCA TGTCTTTCGC TTCTTTTAAC GCATCATTAG AAGTtGAATT GCTCAGTACT 480  
 TTACCTT 487

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 787:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 803 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 787:

GnAAACnATA TTTAnAATTA AGTGTTTCGAT TTGCAGTAAA TTCATACAGA AAAGCTAAAA 60  
 TTAAATGAT ACaGTGGAAT AATGTCACAT TCTCCATAAA TAATTGACCG AAGAAGCATA 120  
 50 AAACATAGAA TAGTACAGTA ACACTTACCG GCTGCTTTTC TTTATATATA ATTGCATTAA 180  
 TACAATAATA AATAATAAAG AGTGAAATTA GTGTTGATGT CGCATAATTA TAAAATCCTG 240  
 CAAACCAGCC ATATGTATCT GCATAAATAG CACTTGGTAA AATTAACATT AAAGAAAATG 300

TCCCCATACT AATGAGGCCA TATGAAAGCC AACGTAACCA GCTTACATGT ACAGCTATAA 420  
 TTTCAAAGAT ATTTCCGATA TAGCGACCAT TAAGTGATGC AAATCCTACT TTAAAAATAT 480  
 5 CAGTATTATA ATTGCTAAAC CATTGTAAAT CATCGTGCAT GAGTGGTAGT AAGATACCCA 540  
 TAAAAGTATA AAACAATAAT ATCGCAATTA ATATCAAAGT TGTCTTGTGT AATTGAATTG 600  
 TTTTCACTTT GCTAATCCTC AAATCTAGTT AAATTTTCCT CAACTTGTAG GTCGAAAAAT 660  
 10 TAATTCAATA TTTTAAATGT ATTTCTAATT TTCACCTATG CATGTTTCCT CAATCAAATT 720  
 AGATAAACAA GGTATTTAAT ATTACTTTCA ACAATTTATC TAAATCGCCC CTCGTCTTTT 780  
 15 TCTATGaCGA ATGATTACAC TTG 803

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 788:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 788:

GAAAAGTTGT ATTATGAATA AAGTTAATCA AGGTGCTCAG GAAGAGGCAA TGGAAGAGTT 60  
 ATTAGTGACT TTTCAAAAAT TGATTAAAGA CTAAAGGAGT TTAAGATGAT ACATCAAAAT 120  
 30 ACGATTTACA CAGCGGGAAT TGAAACAGAA GAACAAGTAA GTCAATTGAC AGAACGCATT 180  
 TCAAATATGA TAGGTGTTCA TCAAGTGAAT ATTAATATAA TAGATGGTCA AGTAACTGTA 240  
 35 TCGTATGAGA CACCAGCAAA TTTGAATAGT ATTGAAAAAG AAATCTATGA TGAAGGATAC 300  
 AAAATTGTAT TTTAGGGTAT AATGTAGAGT GCGCTATAGA TTTTAATTTT GAAAATAAAT 360  
 TAAAAATTTT GTAAATGATG TAGTAAAGGT ATGTCAATA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 789:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 762 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 789:

GTTTAAAGAT GGAGAGATTA TTGATTTTTC AGCTGGAAAA GGTGAAGCGG TATTGAAAGA 60  
 TTTAATCAAT ACTGATGAAG GTTCAAGAAG ATTAGGTGAA GTAGCATTAG TACCTGATGA 120

ATGTCATTTA GCGATTGGAT CTGCTTACGC CTTTAATATT CAAGGTGGAA CGGAAATGAC 240  
 TGTGAGGAA AAGATTGCAA GCGGATTAAA TGATTCAAAT GTACATGTCTG ATTTTCATGAT 300  
 5 TGGTAGTAGT GATTTGACTA TTTATGGCAT ATTCGAAGAT GGTTCAAAAG AACTAGTATT 360  
 TGAAAATGGA AATTGGGCAT CAACATTTTA ATAAATGTTA TTTTGAGGTG CTGAGTAGGA 420  
 10 AATGAAACAT GTATTTAAAG GTCAAATACG TGATTAAAGT ATAGATTGGG AGATAAAATA 480  
 ATGACAAATC AGGACAGACC AATGAAATCT ATGTCAGAAT CAAAATGTTA TAAAAATAGA 540  
 CAAGTTTTCC CTCAAGATAC GAATCACCAT CATACAATGT TTGGTGGTAC ATTGATGGCT 600  
 15 AATATTGATG AAATTGCAGC AATCACAGCT ATGAAACATG CTGGTGCGCA AGTAGTTACC 660  
 GCATCTACAG ACTCAGTAGA TTTCTTAAAG CCGATTAAAA CAGGGGACAT ATTACAATAC 720  
 GTAGCGATGG TTTCATACGC TGGGACTAGT TCAATGGAAG TG 762

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 790:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 400 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 790:

TTTAATTTTA TCTTTTGGAT ATCACATAGA TGCTACTTTT CTATACTGTT CTAAATCTAT 60  
 TATTTTCGTCA CATTGATTTG CAATAGCCAT ATCATGTGTT GCTAAAATCA GCACTTTATT 120  
 35 TTCATCGACC AAACCAAATA ATGATTGAAT AATCATCTGT CCTGTTTTAG GATCTAACGC 180  
 ACCCGTTGGT TCATCAGCTA ACATAACAAT CGGATCTTTT AACATCATTC TAATTAAAGC 240  
 GACACGTTGT TGTTACCTC CACTTAGCGT ATGAACTTTT CTTTTTAAAC TGTTTGACAG 300  
 40 ACCAACTGT TCTATATAAC GtATCTtAtT TTGTnCTTTT TCTTCTTAC TTATTTTTTT 360  
 ATATGCTAAT CCAATATCTA AATTTTCATT TACTGnCAAA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 791:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 400 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 791:

	AACGTAAAGC GGAAGTTGGG ATGGTTGAAG ATGCTGAATT TCATGCGCAA CTACATCGTT	120
	ATAATGCTTT TCTAGAGCAA CATCAAGATG ATAAAGTGTT GTATTTnGAA ATTGGAATTG	180
5	GTTATACTAC ACCACAATTT GTGAAGCATC CTTTTcAGCG TTGACACGTA AAAATGAAAA	240
	TGCCCTTTAT ATGACGATGA ATAAAAAGGC TTCGCATTCC GAATTCAATT CAGGACGTAC	300
10	CATACTTTAA CTGAGATTCT CAACTTGTTc AGCAGACTCC GGACGCAGCA CACGAAATAC	360
	ACATGGGGGC AGAGTnACTT ATGGACCGTT GAATGnGATA	400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 792:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 678 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 792:

	GTTCCGTTTG ATACAGAGAA GCGAATGTAA GCATAATCTT TAACAGTATC GTATGATAtA	60
25	AtTTAATTGG CAACTTTTTG TCACCTTCAT AAACCTCAAA TTTTCTCCAA AATTGACCTG	120
	ATTGTAATCC TAATTCAATT TCTGGTTTTG AATCAGTGAA AATAACTCTA GCAGGTTTAA	180
30	CAGAACTTGC ATAATGATAA AACTGTTGAG TTCCATCTTT CTTTTTCATT TCAAAATCAA	240
	TTGGACGAGA GTTTGGTGCG CTATGATCTT TGTCTTTTAT TGCAGGGTTT TTAATCGCTT	300
	CTCTAAGTTC CTGAtTCAAA ATAGGATATG TATTGTTAgT GGCyTTTGCT GCTGGTTTAA	360
35	CTTCTTTTGT TTCCTTAGGG GcTTTAACTT CTTTAACTTC TTTAGCTTCT TTTGTTTCAG	420
	AAGTAGGGGC CTCAACTTCT TTATTAGATA CTGAGACAGC ATTAGCTACT GGTTTAGTTT	480
	CTGGAGCTTT TTCAGATGTT GTTGTGGAC TTGCAACTGC TTCAGTTTTT GGTTGTGCTT	540
40	CTGTATTTGT ACCACCTGTT TCTTCAGCTG CTGCTTGTGT TCGCCATTG ACATTAATAA	600
	TAAAAGTGTA CTAATTGCTA CAGATGCAAC GCCTAGTGAT GACTTTCTAA TTGAATAAAA	660
45	TGATTTAAAT TCTTTTTG	678

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 793:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 351 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

ACTGGCGGAT CCACGATGGC ATGTGTTAGT GAAGCAATTC ATTTATTACC ATATAATGTA 60  
 TTCTTCGTAC CAGCCAGAGG TGGACTAGGC GAAAnTGTTG TCTTTCAGGC AAACACAATT 120  
 5 GCAGCCAGTA TGGCACAACA AGCTGGCGGT TATTATACGA CGATGTATGT ACCTGGATAA 180  
 TGTCAGTGAA ACAACATATA ATACATTGTT GTTAnGAGCC ATCAGTCATT AAACACTTTA 240  
 GGACAAAATT AAACCAAGCA AACGTTAATA TTACACGGGC CTTTGGTGAT GCGCTGGAAG 300  
 10 ATnGGCGCCT CGGACGTCCA ATCACCTGGA AAAGGTCCTT GGAACCACTT C 351

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 794:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 794:

GGGCGAGGCG TTCGCGCACC GGCCGAGCAG CAAATAGGCC GGGATGTCGC GTCTTGCTGC 60  
 25 AGGTCCGAAA AATATCAACT TGAAGAGGTA ACACCGnTAG ATATGTTTCC ACAAACAACA 120  
 CATGTTGAGA CAGTGGCATT ATTCAATTTG AAATAGCGCA CATGATTGA GATAAAATTT 180  
 30 CGCCTTAATA AGTGAAGAAA GAAGTCGTAT ATTAAAATTT TATTACAGCC AATTTACTTT 240  
 CTTGATATGA ACTTTTTAAA TTAAATGTGA CATTGTATAC TATATTTAAA GAAGAATAAG 300  
 AATGTCATGA TCGGGAGGGT TGGTAATGCA TAAATTTGAT TTAACGACAA ATAATTTTCA 360  
 35 AATGCGAGGT TTATTATCCT GGCAACCTGG TTATTGCGTT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 795:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 407 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 795:

ATGTTCCAGG AACGTATTTT TACAACCGAC AATTAGCATA TGTCATAATG AGTTTTATAA 60  
 50 TTGTATTTTT TATTGCATTT TTAATGAATG TTAAATTACT GAGTAATATT AAAGTGCAAA 120  
 AAGGTATGAT TATAACTATC GTCTCACTAT TATTACTGAC GTTAGTAATA GGTAAAGATA 180  
 TTAATGGTTC TAAAAGTTGG ATAAACTTAG GATTTATGAA CTTACAGGCA TCTGAGTTAT 240

TAAGTAAACC AAAATTAATc TTAAGTCCTA TTGTATTAGC ATTAGGTTGT ACGTTTTTAG 360  
 TTTTCCTACA AAAAGACGTG GGCAACATTA CTAATATTAA TnATnTT 407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 796:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1053 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 796:

CAGTAGGTAC ACTTGCAGCA TTTGTTGGAT ACTTAGAGTT ATTGTTCTGGG CCTTTACGTC 60  
 GTTTAGTCGC ATCATTTACA ACTTTAACGC AAAGTTTTGC TTCAATGGAC CGTGTATTCC 120  
 AATTAATTGA TGAAGATTAT GACATCAAAA ATGGTGTGG TGCTCAACCT ATTGAAATTA 180  
 AACAGGTCG TATTGATATT GATCATGTTA GTTTTCAATA TAACGATAAC GAAGCTCCAA 240  
 TTTTAAAAGA TATTAATTTG AGTATTGAAA AAGGAGAAAC AGTTGCTTTC GTAGGTATGA 300  
 GTGGTGGTGG TAAATCAACA TTAATTAAC TAAATACCGAG ATTTTACGAT GTAACCTCTG 360  
 GGCAAATTTT AATAGaTGGT CACAACmTTA AAGaTTTTTT AACGGGAAGT TTAAGAAATC 420  
 AAATAGGATT GGTGCAaCAG GATAATATTT TATTCTCTGA TACAGTTAAG GAAAATATTT 480  
 TaCTTGGTCg TCCaACAGCa ACAGATGAAG AAGTAGTTGA AGCGGCgAAA ATGGCTAATG 540  
 CACATGACTT TATTATGAAC TTGCCACAGG GATATGACAC TGAAGTAGGT GAACGAGGTG 600  
 TTAAATTATC AGGTGGTCAA AAACAAAGAT TATCGATTGC TAGAATATTT TTAAATAATC 660  
 CGCCAATTCT TATCTTGGAT GAAGCAACAA GTGCACTTGA TTTAGAAAGT GAATCCATTA 720  
 TTCAAGAAGC ATTAGATGTG TTGAGTAAAG ATCGAACGAC ACTTATCGTA GCGCATCGCT 780  
 TGTCCACTAT TACACATGCT GACAAAATTG TCGTAATTGA AAATGGACAT ATTGTTGAAA 840  
 CAGGTACGCA TCGTGAATTG ATTGCAAAAC AAGGTGCTTA CGAGCATTTA TATAGCATTC 900  
 AAAACTTATA AAGTATTAGT TGTTTGACTT CAGTACAATC TTGAAGAGAA AATTTGTAAC 960  
 AGGATGGTGG GGTCAATAACA TAGAAAAAGC AGTAAGAGAT TTTCTTAGTT GAAAATAATC 1020  
 TThCTGCTTT TTAAATTTA ATTTcGnGAT TCA 1053

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 797:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 544 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 797:

5 AAGAGTGACT CCTGAAGTGA AAGAAGGGGA CCGTGTCTGT TTCCAACAAT ATGCTGGTAC 60  
 AGAAGTTAAA CGAGATAATG AAACATATCT GGTATTAAAT GAAGAAGATA TTTTAGCAGT 120  
 TATTGAATAA TACAGAACTT AATTCATAAA TAAATTAAAT AGAACGAAAA TGAAACACAA 180  
 10 CTAAACAAAT GGAGGTTTAT CATTTATGGT TAAACAATTG AAATTCTCTG AAGATGCACG 240  
 TCAAGCAATG TTACGTGGTG TTGACCAACT TGCAAATGCA GTTAAAGTAA CGATTGGTCC 300  
 TAAAGGACGT AATGTTGTAT TAGATAAAGA GTTTACAGCA CCTTTAATTA CGAATGATGG 360  
 15 TGTGACGATT GCyAAAGAAA TCGAATTAGA AGATCCATAT GAAAATATGG GGGCTAAACT 420  
 AGTTCAAGAA GTCGCAaATA AGACAAATGA AATTGCTGGT GACGGTACGA CAACTGCAAC 480  
 AGTATTAGCT CAAGCAATGA TTCAAGAAGG CTTGAAAAAT GTTACAAGTG GTGCGAACCC 540  
 20 AGTT 544

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 798:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 372 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 798:

CAATTGCATA GATATTGCTG ATAGACGTAC GGCTTTGTTT ATCAACTTCT AATAATCCAC 60  
 35 GGTCAGCGAA TTAAACACCT AATTCGTCT GTGTTTGGAC GACGACCTAC AGTTACTAAT 120  
 ACATAATCAG CTTGATTGT TTTCTCTTCG CCTTTAGCTT CATAAGTAAC TTAACTCCG 180  
 TTATCTGTTT CTTGAGCTGA TTTAGCCATA GCTTCAGTAA CGATTTCAAC ACCTTTTCT 240  
 40 TTCATACCTT TTTAACAGG TTGTGTGCAT TTGnTTTTTC GAGGCCACCT AAGATATCTT 300  
 TAGCACCTTC AAGGGATGGG GTACTTTCTG nAACCAAAGT TAGCAAATGC TGTACCTAAT 360  
 45 nCTGGTCCAA TG 372

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 799:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1182 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 799:

5	AAACGACATT TGTTTAATTG GAAGAATTaG CACCATTTTT TGAGGCGGGT ATAGAtTCAT	60
	TTAAAATCGA TGGTATTCTA CAAACGGAAG AATATATTAA TGTGGTAACG GAACAGTATC	120
	GTCAAGCGAT AGATTTGTAC AATGAAGATC CTGAAATCTA TGAAGATGAG AAATTTATGT	180
10	TGATGGATCC AATTGAAGAA ATTCAACCTg ATCATCGACC ATTTGACGAA GGTTCCTTAT	240
	ATAAACAAAC AGTATATTAA GGAGGTTAAT CATGAAGACA ATAGAAGAGA TTAAATCAAC	300
	TCCTAAAACA GTTATGAAGA AACCAGAATT ATTAGCACCT GCTGGAAACT TAGAAAAGTT	360
15	AAAAATAGCA GTACATTATG GCGCTGATGC CGTATTTTTA GGTGGTCAAG AATATGGATT	420
	ACgTTCaAAT GCTGaTaATT TCaCGATGGA AGAAATAGCT GAAGGTGTTG AATTTGCGAA	480
	CCGTTACGGT GCCAAAATTT ATGTTACGAC AAATATTATT GCACATGATG AGAATATTGA	540
20	AGGTCTAGAA TCATATTTGC GTAATTTGGA AAAGACTGGT GCGACAGGTA TCATTGTTGC	600
	AGATCCTTTA ATTATCGAAA CATGTAAAGA AGTTGCGCCA AACTTGAAA TTCATTTATC	660
25	TACTCAACAA TCACTTTCTA ATTACAAAGC TGTAAGATAT TGGAAAGAAG AAGGATTGGA	720
	TCGTGTTGTA TTAGCACGTG AGACCGGCGC GATGGAAATG CGTGAAATGA AGGAAAAAGT	780
	AGATATTGAA ATCGAAGCAT TTATTCATGG TGCTATGTGT ATCGCCTATT CAGGTAGATG	840
30	TACATTAAGT AATCATATGA CTGCAAGGGA TTCCAACAGA GGCGGTTGCT GTCAAAGTTG	900
	CCGTTGGGAT TATGAATTAT TAGAAGTTGA TGATAATGGT GAACTTGATG TTTTTTATAA	960
	TCAAgGTGAA GTTACACCGT TTGCGATGAG TCCTAAAGAT TTAAAATTAA TCGAATCAAT	1020
35	TCCTCAAATG ATGGATATTG GTGTGGACTC ATTAAAAATT GAAGGACGTA TGAAGTCAAT	1080
	TCATTATATT GCAACAGTTG TCTCAGTATA TCGTAAAGTC ATTGATGCGT ATGCGGCAGA	1140
40	TCCTGACACT TTAAGATTAA TCCGGAATGG TTAATAGAGT TA	1182

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 800:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 989 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 800:

50	GTATTCTTCC AATAACACCT TTCATTTGGA AACCGTTTAG AAAGAATACA GTTACTTCAG	60
55	TTTGGTTTGC TTAAAATTC TCTaGTGCTT TGTCTGGAT GTTTTCGtTG cAATCATCTG	120

TTTTCTTTAT CTAACCAATG AACACTCAIT TTATTCTTGA ACCATGTCAT TTGTCGTTTT 240  
 GCATATTGGC GTGAATGTTG CTTTAAATCA TTGACAGCAT CTTCATAAAT CATTTGTCCG 300  
 5 TTAATCACAG GTATTAATTC TTTATATCCA ATAGCTTGCA TACTTTGGCA AGATTCATAG 360  
 CCTTGTTCAA CAAGTTGTTG CACTTCTCTA AATAATCCGT GATCCAACAT AATATCAACA 420  
 CGTTTATTTA TTCTTGAATA TAATGTTTTA CGCGACATTT CAATCCCTAA TAATAATGTA 480  
 10 TCATAATTTT CAGTAAATTG TTGCACTTTC TTGCGATTAC TCAAAAGTTT TTTTGTTTTT 540  
 AAATAATATT CAATAGCGCG CAACACTCTT TGGcGGTTGT TAGGGTGAAT ATTTTCTGaC 600  
 15 AGAAACCGaC ATCAAATTGA GCTAAATAAT CGTGTAGTTG CTGATTATCT AAATGTTCTA 660  
 ATGCAGATAA CTTTTGTTTA ACTATGGATA ATTGTGCAGG TGTAcTGTTT CATCTTCTAA 720  
 TTCATAATTA TATATTAATG ATTGAATATA TAAGCCTGTT CCACCTGCTA TGATTGGaAC 780  
 20 TTTACCTCTA TTCGtATAT CAGTAATTAA ATCTTCTGCT AATCGCTTGA ATTCATATGC 840  
 TGAaATGTA TCATCAGGAT TCAAGATATC AATTAAATGA TGTGGAATAC CATCCATTTC 900  
 TTCAGGTGtn ACTTTTGCAG TTCCAATATT CATATGTCTG TAGACTTGCA TAgAGTCACC 960  
 25 GCTTATGATT TCACCATTGA TACGCTTCG 989

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 801:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 543 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 801:

CGTTAGATAT AGAATTAAAA GATAATATTA AATTTCAAAA CGGTCAAAAA TTGACTGCAG 60  
 40 AAAAAGTGAA ATCTAGCCTT GAAAATAGCA TGAAAAAAG CGACTTGGTC AAATATTCAT 120  
 TACCAATATC ATCAATTACC GCTAAAGGTC AAAAAGTAC AATTAAAACC AACTCCGCTT 180  
 ACCCTGaACT TGTATCTGAA TTAGCTAATC CTTTTATGGC AATTTATGAT ACAGATGCTA 240  
 45 AATCAGATGT TAATCAAACCT CCTGTTGGTA CAGGCCCTTA CCAAATAAAA GATTATAAGC 300  
 AATCTCGAAA AATATCATTG TCGAATTTTA AGGACTATTG GCAAGGTAAA CCGAAACTTG 360  
 ATCATATTAC TGTGACGTAC CAAGAAGACG GCAATAATCG CGTCAGAAAT TTAGAATCTC 420  
 50 AAAAGATGA TTTAATAACT GATGTCCCAG TTAATAAAGT TCAAGACATA GAAAATAATC 480  
 AAAATTTAAA AGTGTCAAAA GAATCTGGAT TTAGAACTTC TTTACTTATG TATAATCATA 540

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 802:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1139 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 802:

	GCGAATTCGT ACACACATAT ACACAAAGAT AATCATAGTT TTACATTGAA GCACATGAAA	60
15	GATAATTCAT TTAAAGGAAG GTATTATCAA TGAATAAAAA AATGGGATTA TTAGTTATGG	120
	CTTATGGCAC ACCTTATAAA GAAAGTGACA TAGAGCCATA TTATACAGAT ATTAGACATG	180
	GTAAACGTCC ATCTGAAGAA GAACTTCAAG ATTTGAAAGA TAGATATGAA TTTATAGGTG	240
20	GTTTATCACC ATTAGCAGGT ACAACAGATG ACCAGGCTGA TGCGCTAGTT TCAGCATTAA	300
	ATAAAGCATA TGCAGATGTT GAATTTAAAC TATACTTAGG ATTAAAACAC ATTTCCACCAT	360
	TTATCGAAGA TGCGGTTGAA CAAATGCACA ATGATGGCAT TACTGAAGCA ATCACGGTAG	420
25	TACTAGCACC ACATTATTCT TCATTTTCAG TAGGATCATA TGACAAACGT GCTGATGAAG	480
	AAGCTGCAAA ATATGGTATT CAACTTACAC ATGTGAAACA TTATTATGAA CAACCTAAAT	540
30	TTATTGAATA TTGGACGAAT AAAGTCAACG AAACATTAGC TCAAATACCG GAAGAGGAAC	600
	ATAAAGACAC GGTATTAGTT GTTTCGGCAC ATAGTTTGCC AAAAGGTTTA ATCGAAAAGA	660
	ATAATGATCC ATATCCACAA GAACTAGAAC ATACTGCGCT TTTAATTAAA GAACAATCTA	720
35	ATATTGAACA TATCGCGATT GGTGGCAAT CTGAAGGTAA TACAGGTACA CCTTGGTTAG	780
	GGCCAGATGT ACAAGATTTA ACACGTGATT TATATGAAAA ACATCAGTAT AAAAATTTTA	840
	TATATACGCC AGTAGGTTTT GTATGTGAGC ATTTAGAGGT GCTTTATGAC AATGATTATG	900
40	AATGTAAAGT AGTTTGCGAT GATATTGGTG CGAATTATTA TCGTCCAAAA ATGCCGAATA	960
	CACATCCATT ATTTATCGGT GCAATTATTG ATGAAATCAA GTCTATATTT TAATGACGAA	1020
45	AGAAGCGTGA AACGTTGTGA CTAAATCAGT GGCTATTATA GGAGCGGGGA TAACAGGTTT	1080
	ATCAAGTGCA TATTTTTTAA AACAGCAAGA TCCTAATATT GATGTAACCA TCTTTGAAG	1139

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 803:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 989 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 803:

5 TATCCnAAAT AnAAATGTGC GCATTTATCA AAACCTTACA TACAATAGAG TTTTCCCTAA 60  
 CAGTAAATTA GATATTATTA CACCTGTTGA TATGTCTTCT AATGCCAAAC TGCCAGTTAT 120  
 TTTTGGATG CACGGTGGTG GTTATATTGC GGGTGATAAG CAGTATAAAA ACCCATTATT 180  
 10 AGCGAAAATT GCTGAACAAG GGTACATTGT TGTGAATGTA AATTATGCAT TGGcGCCACA 240  
 ATATAAATAT CCCACACCAT TAATTCAAAT GAATCAAGcA ACTCAATTCA TTAAAGAAAA 300  
 TAAAATGAAT TTACCTATTG ATTTTAATCA AGTAATTATT GGCGGTGAYT CTGCAGGTGC 360  
 15 TCAATTAGCT AGCCAATTTA CGGCAATACA GACGAATGAT CGCTTAAGAG AAGCCATGAA 420  
 ATTTGATCAG TCATTCAAAC CATCGCAAAT TAAAGGTGCT ATACTATTTG GTGGTTTTTA 480  
 TAATATGCAA ACAGTTAGAG AAAGTGAATT TCCAAGAATA CAGTTATTTA TGAAAAGTTA 540  
 20 TACTGGCGAA GAAGATTGGG AAAAGAGTTT TAAAAACATT TCACAAATGT CGACAGTAAA 600  
 ACAATCGACA AAAAATTATC CaCCAACATT TTTATCTGTT GGAGATAGCG ATCCATTCTGA 660  
 AAGTCAAAT ATAGAATTCA GTAAGAAATT ACAAGAATTG AATGTACCAG TAGATACTTT 720  
 25 GTTTTATGAT GGTACGCATC ATTTACATCA TCAGTATCAA TTTCACCTTA ATAAACCTGA 780  
 ATCGATAGAT AATATCAAAA AAGTGTTACT TTTCTTAAGT CGTAATACAT CCTCTAGTGG 840  
 30 TATTCAAACCT GAAGAGAAAC CACAAATAGA AAATCCGAGT AATGAATTAC CGTTAAATCC 900  
 TTTAACTAA TGATAAACAG TAGTAATTTA TTAAGTTAAG AACATTTAAG ATTTTCAAAT 960  
 TAAAAACGAG AATTTAAAAAC ATGTGGTGC 989

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 804:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 711 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 804:

45 TAAAnCCCTGG TTTAATGATT TTGATTACGT GTTTTATATA TAAAAACATA TCGAACATTG 60  
 ACTACGTTAT TAAGCTGCTT TTTTGTACAC TTTATAACCA ATAGCTTAAG ATTTAAAACT 120  
 50 AATCGGAAAG AACAAATGATT CACCAAnAAAA ATATTTATGT TGCTATTAAA AATCAGTTAA 180  
 TACGAATGTT AAAATACGTT TGATTTTCAT TAATAATGAT TCAAGTTTAT TTAAATGAGC 240  
 GTTAATGTCA GTCTGTTTTG ATGCACCTTA TAATAAGAC AGATAGTTCA AATTACGTAA 300

AAAGCAACAT TAGCATTAGG AATATTA ACT ACAGGTGTGT TTACAGCAGA AAGTCAA ACT 420  
 GGTCACGCGA AAGTAGAACT TGATGAGACA CAACGCAAAT ATTATATCAA TATGCTACAT 480  
 5 CAATACTATT CTGAAGAAAAG TTTTGAACCA ACAAACATTA GTGTTAAAAG TGAAGATTAC 540  
 TATGGCTCTA ACGTTT TAAA CTTTAAACAA CGAAATAAAG CTTT TAAAGT ATTTT TACTT 600  
 GGTGACGATA AAAATAAATA TAAAGAAAA ACACATGGCC TTGATGTCTT TGCAGTACCT 660  
 10 GAATTAATAG ATATAAAAGG TGGCATATAT AGCGTTGGCG GTATAACAAA G 711

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 805:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 680 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 805:

ATCAGGAAAA ACAGaATAAT GTAAATCAAG CTGTT CAGCC TCAAAATAAT ACTAATGAAA 60  
 25 CATCAAAAGT ACCGGCTAAT TTTGTCAAAT TGAATGATAT TAAACCAGGT GATACTTCTA 120  
 TACAAGGAAC AACTTTACCA AATCAATTTA TACTATTAAC TATTGATAAA AAAGATGTGA 180  
 GCTCAGTTGA AGATTCTGAC AGCAGCTTTG TTATGTCTGA TAAAGATGGG AATTTTAAAGT 240  
 30 ATGACTTAAA TGGTCGCAAA ATTGTTTATA ATCAAGAAAT TGAAGTGTCT TCATCAGATC 300  
 CCTATTTAGG TGACGATGAA GAAGATGAAG AAGTAGAAGA AACTTCAACT GAAGAAGTTG 360  
 35 GTGCTGAGGA AGAAAGTACA GAAGCTAAAG CTACATATAC AACACGCGA TATGAAAAAG 420  
 CGTATGAAAT ACCGAAAGAA CAGCTAAAAG AAAAAGATGG ACATCACCAA GTTTT TATCG 480  
 AACCTATTAC TGAAGGTTCA GGTATTATTA AAGGCCATAC CTCTGTAAAA GGTAAAGTTG 540  
 40 CTCTATCTAT TAATaATAAA TTWATTA ACT TTGAGaCAAA TGCTAtGGTG GtCCaAATaA 600  
 AGAAGaAGCG AAATCTGGAT CAGAAGGAAT CTGGATGCCT ATTGATGACC AAGGATACTT 660  
 TAATTTTGAC TTCCAAACGA 680

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 806:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 950 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

GTATTTTCATT AGCCATTGGC AATTGACATC TGACAATGAG GAATGGCTTT TGCATTGGAA 60  
 TTCACAGTTG GAGTGCATTT ACTGGTTATT TTGGAGGTCA TTGTTGATAC ATTATTAATG 120  
 5 GAGAATAACC GAATTTGTGA TGTTATTTCC ATTTTAAATA TTTGCAATTG TATTAAATGC 180  
 TGCACCTTGA GATAAAATTA AAAATCCTTA TGGATCTGCC ATAATCTTG TTCTAGTTAT 240  
 TATCGTATTA AGTTGGGGAG GTATTGACAA GACTTGTTTCG TGGTAAAGTA CTTCAAGAAA 300  
 10 AAGAAAATGA ATACTTTTTG GCAGCAAAAT CAATTGGTAC ACCCACATAT AAAATTATTT 360  
 TGAAACATCT TTTGCCGAAT ATATTAAGTG TAGTTATCGT ACAAGCAACA TTGTTATTTG 420  
 CCGGTATGAT TGTAGTGGAA TCAGGrTTGA GCTTTTTAGG ATTCGGAATT AGTAAAGCAA 480  
 15 TACCATCTTG GGGTAATATG TTGAGTGATG CTCAAGAAGG GGATGTTATA AGTGGTAAAC 540  
 CGTGGATATG GATGCCACCT GCTATAATGA TTACATTAAAC TATATTAAGT ATAAACTTTG 600  
 TAGGGGAAGG GATTAAAGAT GCTTTTAAATC CTAGAGGTAG ACGTTAAATA ATAAAAGAGG 660  
 20 CACTAGTTAA TTCTAGTACC TCTTTATTTT ATCTCTTACG TCCTAAACCC ATCGCTTTTT 720  
 CCATTTTTTTT GACAGTTTTA AATGAACTT TGTGTGCTyT ATCTCTACCT TGATCTAAAA 780  
 25 TATCAyCAAG TTTATcTGAG TTATAGAAAC TTTCGTATTT TTCTTGAAT TCTACTAAAA 840  
 ATGCTTTAAC TATTTcAGCA AGGTCACCTT TAAATTTACC ATAACCTTCG CCCTCATATT 900  
 TTGCCTCAAT ATCTTTAATT GGCATGTCTG TTAATCCAGC GTATATTGAA 950

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 807:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 418 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - 35 (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 807:

GTTACCAGTC GAAGCTTTAC GACCTGTTAC GAAACATTGT TTACCCATAT GAGTACCTCC 60  
 TTTAATAAAAT ATAAATACAC ATAACACTT ATATACTTAA TTAAGATAGC ATAGTTTCAT 120  
 45 TTGAAAAACA ATGAATAATT TTCACATAAA AGTCAAAAAT ACTGAGTTTT GTGATATAAT 180  
 TGTAGACTGT GAAGTTATGT AGTATGATAT TTTAGAGAAA TAAGTGAATG AAACATTTAA 240  
 AATTTTTATT TrATGATACT ACATCTATTA AAAGAAAACG CCTATAGATA ATCGTCaTGA 300  
 50 GTGTAAATTC AGTTtACTCa AcAtATAaTA GGkGaTTTAA gCgTAAGtCa TTCTGATAAG 360  
 TTGTACCATT GATATTTTAT GAAATAnTCn ATGAACTTAA AGCGTTTATG CTACACTA 418

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 842 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 808:

10 AATGGCnATT AATCTTTAAT ACGATGCTTG AGGATTTTTC CTAATAAAAC CTTGATTTCm 60  
 AAAAGGGTTT AAATCmAATG AAACAATAAT AAaAAAATGw CGCAATATAA TAATAAGTAC 120  
 15 AAATTTAATT AAGAAATTAA ATTGATTGTA TATGTATATT TTGGTAACGT AAAAGAGAnA 180  
 TATACAAAAT AATTAATTAT TTATATGAAA AGAGAATATA AATGAAGTAT AAAACAGAGA 240  
 GACGTGAAGC GATGGGATAT TTAaMAAGGT TTGCATTGTA CATAAGCGTT ATGAYTTTAA 300  
 20 TATTTGCGAT AGCAGGTTGT GGCAAAGGTA ATGAAACAAA AGAAGATTCA AAGGAAGAAC 360  
 AAATCAAAAA GAGCTTTGCG AAAACATTAG ATATGTATCC AATTAAGAAT CTCGAGGACT 420  
 TATACGACAA AGAAGGATAC CGAGATGGCG AATTTAAAAA GGGTGATAAA GGGATGTGGA 480  
 25 CGATATATAC AGATTTTCGCC AAAAGTAATA AACAAAGGTGG ATTGAGTAAT GAAGGTATGG 540  
 TCTTATACTT AGATAGAAAT ACACGGACTG CAAAGGGACA TTATTTTGTT AAGACATTCT 600  
 ATAATAAGGG CAAATTCCCA GATAGAAAAA ATTATAAAGT TGAAATGAAA AATAATAAAA 660  
 30 TTATCTTATT AGATAAAGTA GAAGATACAA ATCTAAAAAA GAGAATAGAA AACTTTAAAT 720  
 TTTTGGACA ATATGCAAAC CTTAAAGAAT TGAAAACTA CAACAATGGT GaTGTCyCAA 780  
 TTAATGAGAA TGTTCCAAGT TATGACGCAA AATTTAAAT GAGCAATAAA GATGAAAATG 840  
 35 TT 842

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 809:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 451 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 809:

TAAGACTATG CCATCTTGGC AACGCGTTGT CGCATATTCA TTATTAGTAA GTATATGCAA 60  
 50 GCATGATTTT GCCATAACTt TACcCtTTC TATATTTAAG TACCACTTTT ATCATTCCCT 120  
 ATAATATTTA ACTTATTTAA TTAAACGTAA ATTTAACACA ATACGAATAC CAAATCAAAA 180

AAAAATAGAT GTAGTCAGTT TAATTAAACT ATCCAATTGA AAACACACTA CTTTTTAGTA 300  
 TTTTCAAAAT AATTTTAAAT GACCACATCT ACAACGTATT ACTATTATCT TTTGTTAGTT 360  
 5 ATATATTTCAT TTTCAATTTA TAAATAAACA CTTATTTAAA TCACATTCTA CTTTTGAGAT 420  
 GAGCTCAAAC TAACATTAAA TTGTTTATAT T 451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 810:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1499 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 810:

ACATTTTGTG CTTGTTGTCC AATCCAATTT CTACTTTGTT GAACAGTATG AGTTGCTTGA 60  
 CCACGCATGT TACTCAGCAT TTGTCCAACA TGAGTATTTT GAGCAAAGTT ACGAGATTGA 120  
 TTCAACACAC TGTTTTTCAT CATThCCATT TTAGGTGAAA TACGACTAAC TGCTTGTGTC 180  
 25 ATTGTCITTT GCAATCCTGT TTTAACTGCA AATTTTCTC CGCCTTTGAA GCCTAATTTT 240  
 ATTAACTTT TCCCAGCACC TTTGAGGAAG CCCATACCTG GCAATGGAAT AAGCGAAAGT 300  
 CCTTCCATGA TTCGTTCTTC TTTAGATAGC TTTCTTCCAG TTACAATATT TTTTCTGTG 360  
 30 GCTGCATTG CTGCTGAATA AGCGGAATAA GCACCAATAG CTACTGCTCC AGCAACAGGA 420  
 TTAATACAAG ATAAACTAC CATACCAGCT AGTGCTGCAA TCTCTATAGC TTCTTCTTTT 480  
 TTCTTTTGCT CCTCTAGcTC TTCCGCTTCA GCTACTGTCA TGTAATCACA AGAAGCGCCC 540  
 35 TGAGTCATCA TTTTTTCAA ATCACTTTTA GATAATTTCT TATCTTCTTT TTTCAITTTCT 600  
 TTGTAATGCT GATCAATTAC TTTTACAAAT TCTTGATCCG ATTTTAATAT TTCATCGATG 660  
 CTATAAACAT CGCTGTCAC TTTCTTGGCA TCTCCCTTTG CAATTTTCCC AGAAGCCCCA 720  
 40 TAGGTATCTC TACCATGTCC ACCACCATTT TTAATTAGTA TATTTTCCAA TTTAACATTC 780  
 GTTATACCTT TGAATGCTTT ATCTATATCT TCTATAAATG GCGTGTCAAT AATTTCTTTT 840  
 45 ATTTTCGAAT CTAATTGAGA TGCATAATCA TATAACTCaT TTTGATAATA CCCCATTAAT 900  
 TTAGATCCTT GTGGAcCTAC TACACTACTT GTTAATGATA TTGCGCCATC TTCGTCTAAA 960  
 GAACTGACAT CGCTTACCGC ATCATCCATT GTTGATCTA CATCTAAGAA GTCTTGACCC 1020  
 50 TcTATTGCAT CTATTACACT TTGGATAGAT GACTTTTCAT TGTCATAATC AGCTGTTAGA 1080  
 TATTCAATAT CTTTTGTCAT GTCATGCACC TATCCCTCAA TATTATAGTA AAGCTTGGCA 1140

CCACCGAGTG TACTCAATGG ACCTTTGAGA CCACTAATGA CTGTTGCAGC ACTACTATAG 1260  
 CCATTTTCCA TAGAATGTGC AGCTTTTTTCA CTACTGTAGT AATTTAATTG CGCTATTTTT 1320  
 5 CCAAAGTTTT GAGCTATTTT ATCATACTTT TGACTTATGC TTTCCAATTC TTTTACAACA 1380  
 TGTGCAATCG TTTGAGCTTT AACACTAATT TTTCCACTCA ACGTCATTAC TCCTCtGcTt 1440  
 TATtAATATG ATTTTcATCA GTATCGAATC CAAATAATTC TCGTGATAAA nGTATTGAA 1499

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 811:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 620 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 811:

CnCGCTGCAC CGAAGAATGC TTTTGGTTTG TGTAAGATG CAGGATCTAA ACCACCTGAT 60  
 AATGTACGAC CACTTGGTGG AATAACyAAG TTATAAGCGC GTGCTAATCT CGTTATAGAA 120  
 25 TCCATTAAAA TAATGACATC TTCCCCAATT TCTACTAAAC GCTTTGCACG TTCAAGTAAT 180  
 AATTCAGCTA CTTTAACATG GTGTTCTGGT GGTTTCGTCAA ACGTTGAATG AACGACTTCA 240  
 GCAGCTTCTA CTGAGCGTTC TAAATCTGTT ACCTCTTCAG GACGCTCGCC AACTAACAAA 300  
 30 ATAAATAGCT TTGCATCTGG TTTGTTTCGTA CTGATTGCAT TCGCTATTTT TTTTAATAAC 360  
 GATGTTTTAC CTGCTTTAGG TGGCGCCACT ATTAAACCAC GTTGACCTAA ACCAATCGGT 420  
 GTTACTAAAT CCATGATGCG CGTTGAATAA TTTTGTATTT CTGTCTCTAA TTTAATACGC 480  
 35 TCATCTGGAT AAAGTGGTGT CAAAGCTTGG AAATGCGGAC GTTTCTTCAC TTCTTCTGCG 540  
 TTATGGTCAT GACAAAGTCA ACTTGTAATA AGCCATAATA TTTTTCGTTA TCTTTAGGTT 600  
 TTCTAACTTT CCCAGTTACT 620

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 812:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1094 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 812:

CCGGCTGAAA TTAAGTTCTT GTTATATTTT GCAAAAATGA CAAAGAAAGA TAAAAATAAA 60

TGAACTATTT GCAATTAGAG AATTGTTAGA GAAAGGTTTG ATTGGTGATT GTATTCAACC 180  
 TATAATTGAA CCAATTAAAT ATACAACCAC ATTTAAAAAT ACTTTGCAAT ACTGTGGTGA 240  
 5 AAAAGCATT C TCTATAAATT TAGTAGTAAA TTCAAAGTTA ACTGAAGAAG AGATTAGTAA 300  
 CGAAaCTGTt GCACATTTAA CTGAAATAAT AACAAAAAAC AAAAGTGTTA TTCAAAAAGC 360  
 10 TTA CT TGGGT CCTTCTGATG AAGGCAATGA TAGGTTGAAA CAGCAATTTT CAAGTAATAG 420  
 TTTAGCTATT TTAACAAGTG TAGATGATTG GGAAATGTTT GGAGATAAAA ATAACTTGA 480  
 AATGGTTTTT GTACCAGATG ATAGACACAT TAAACGTAAA TTGCGTAATA TTCCAAACAA 540  
 15 AGGCATsATT ATGGATCCTT TTAATAAACT AAGTCGTAAT GTTGATTATT TAGATAATGA 600  
 TGACGAGTTT TATAGCGACG ATCACCTTTA TTATAAGGAA GATGGATACG TAGCATT TTC 660  
 AGACTATTCT GTTATAGGTG GAGAATATGT AGACGGTGGC TTTTCGCCAT TAGCtATTGc 720  
 20 GrTACATATT GTCTATTTTG ATGAGGCTAA TGAGCTAAGA GTTAAGCATT TtGTCTCTGa 780  
 TTCTAATAAT GATAGATCAA ATCCAGGTAA AAnGTTTTTT GAGGCTGTAG ATAAATTAGT 840  
 AACATGGTCA AAAAaCTTAG ATATTAAAA TAGATCTTAT GCGCTTGGAC AATTtGAAGA 900  
 25 ATTAAATGAA AATAATAAGT ATCCAGGATT AGGTTTAATT AAAnGTTATC TATCAGCATC 960  
 ACCTAGAAAT TATGAATAGA TACTGGGTCT CAAAGAAATA GGAAAAGTTT ATATCGAACT 1020  
 30 GAACTGCAAG AATGCATTGA CATGGATGAA CACACGGGTA AAATGATCGC AGCTGAAATG 1080  
 ACTATGGTAT TAGC 1094

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 813:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 930 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 813:

45 CACCTATCAT CGTCTCTTTA ATTCTATCTA TCTATTTACC CCAATCGTAA ATATGATGGA 60  
 CGTTATAGAA TACCAAGAGT TGCAGGTATn TCTATTATTT ATCTAGCTGT AGTAGGTGTT 120  
 ATTACGTTAA TTGTAAATTT ATTGATACCT ATTATTGGTT CGCAAGTAGA TAGTTTAGTT 180  
 50 AAAAATTCAC CGCAATATCT AGAAAAATTA ATTAATTCTA TTGATAAAAT AGCAAATAAT 240  
 ACGTTTTTCT CTTCGTATTA TAGTCAAATT AATGATTGGT TAAATTCTTT ACCTAAGAAA 300  
 ATACCATCTA TGTAAAGTGA ATTTACAGAT GGCTTTGGGT CTAAaATTGC AACGTTTGCA 360  
 55

CTTAAAGATG GACATCACTT CAAAGAATTT TCAACGAATA TTATGCCACC GAAATTCCGA 480  
 AAAGATTTTC ATGATCTACT TGAAAAAATG AGTGTTCAAG TTGGTTCATA CATTCAAGGA 540  
 5 CAAATTATCG TTTCATTCTG TATCGGTATA CTGTTGTTTA TCGGTATTTC GGTTATCGGG 600  
 TTGAAATATA GCTTAGTATT AGCTAGTATT GCGGCAGTTA CAAGTGTGT ACCATATTTA 660  
 GGCCTACTA TAGCGATTTT TcCAGCTATT GTAATnGCTG CTATAACaYc GCCGTGGATG 720  
 10 CTCTTAAAT TAGCAGTAGT ATGGACTTTA GTACAATTTG TTGAAGGGCA CTTCAATTTCA 780  
 CCAAATATCA TGGGTAAAC ACTTAAGATT CATCCACTTA CAATCATTTT CATTTTACTG 840  
 15 TGTGCAGGCA AATTGCTTGG TATTGTAGGC GTTATTTTAG GTATTCCGGG ATATGCTATT 900  
 TTAAAAGTAT TtAGTTACTC ATTTATTCCA 930

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 814:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 461 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 814:

GTATGATTGC TGTTTTAATA CCAGATGATG GCAGTGGCAA ATCTTATGAC TATATGCTTG 60  
 TGAACCCAAA AATTGTAAGT CATAGCGTTC AAGAAGCTTA TTTACCAACT GGTGAAGGTT 120  
 GCCTTAGTGT CGATGATAAT GTTGCTGGTC TAGTTCACCG TCATAATAGA ATTACAATTA 180  
 35 AAGCCAAAGA CATCGAAGGT AATGATATAC AATTACGACT AAmAGGATAT CCAGCAATTG 240  
 TTTTCCAACA TGAAATTGAC CATTTAAATG GTGTAATGTT CTATGATCAC ATTGACAAAG 300  
 ATCACCCATT ACAACCACAT ACAGATGCAG TAGAAGTTaA aACACATTTT cTAATTATCA 360  
 40 AAgCTTAGGA TAAtATGATG tCCTAAGCTT TcCTTTACAA CTTTTCGGAT AACCAACAGT 420  
 TAATATATCA CCTTCTAACC AAACTTTTAA TCCCTCATTA A 461

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 815:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 573 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 815:

	AACGATATAA TAGAATTGAA TAAAGTGGGT GATAATGTGA CTAAAAATGA GATTAGAAAA	120
	TACATTTTAC ATAAAATGAA GAATTTTAAT AAAGCTGAAA AGCGAAAAGC AGACACATGG	180
5	TTAAGAAATC AATTTTTTGC AACTGAAGAA TACAAAGAAG CAAACGCAAT TGCCTAGTT	240
	CTTCTTTTA ATCATGAAGT AGATACTTTT TCTATTATTG AACAAGCCTT AATGGATCAT	300
	AAACGTATTT TTGTACCGAA AATGGATTAT TTAAATCATC AAATGACTTT TAAAGAGATA	360
10	TTTAATCTCA AAGATATTGA TGTCGATAAT AAGGGGATTT ACTATCCAAC TTCAAAAGGT	420
	GAAACAACGA ATAACCTAGA TTTAATTGTT GTTCTGGTG TTGGATTTCAGACGATGGA	480
15	TATAGAATTG GGTATGGTGG TGGCTATTAC GACAGGTTTT TAGCTAATTA TCAGACAAAG	540
	ACAATAAGCT TATTATACGA TTTTCAAATA ACA	573

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 816:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3989 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 816:

30	TAGTTTAACA ATGTCTATTC TCATAGAATT TGTCCAATA AATGTAGACG ATTCACTAAA	60
	CTTCTAAAAA AATAAACCCC AAATTATAAT AGTCTCAATA TTAATATATT ACAATTTATT	120
	CATAGGATTT TTATCATTTT AATTAATAGG TTGTTATCAG GGTAAATAA ACATTTTTTG	180
35	TAATAGTCCT TTTTACGTT CTTTAAATAA CTCAATTCTA TTCATTTGAT TATTCATTTT	240
	ATTGTCTATA GATTTTAACA ATGCACCTAC TTTATCTGT TCAGTGAGAC AAGGTATTTT	300
	AAGATTTATA TTGCATAAGT TCGCATGAGT TAATTTAGCT GGTGCATTAC CTGTGACAAA	360
40	TGCTCGTAGT TCTTTAAAAT TTAAATAATA ATTCATAAAA AACAAATTAT GATCATTACT	420
	TTAACTACA TGCGCATGAT TATTTACCCA GTATTGCCA TTAGCAATAA AGCTACTCGT	480
	CTCAAACTGC CCCCATTTTG CACCATCTTC TCCTATTAGT AATCGTTCTT CATTATTGAA	540
45	TAAATAATCT TTTACGTAAT CAATAATTCC AGTTGCACCA TAGTAAGGGT ATAACCCCTT	600
	TTCTCTTAAT GAAGAAGTAA TTGGTTTTCT TCTATTATTT TCAAAGATAA AGATGTCTTT	660
50	TATGAATTTG TTTTCCCACT CTGGATATTC TTCACCATTTC TCATCTTTGA ATCGCAATTC	720
	TTGTGTGAAG ATTTTCTGCA TATAGCCTTT TTTCTGTTGT TGAAGCAATT CAAGTTTTTG	780
55	TTCTTCTAAT TCAATTTGTC GGTGAGTTT GCTGAAGAAC TTGCCTATTT TTTGCTGTTT	840

	TCGACTACCT	CCACTTTGTG	CAAGGAAAAT	TTTCCTTTTA	CCTTTTCTTG	ATAATAGATA	960
	CTGTCCAAAA	AAATTATAAT	AATACTCTTT	TTTCAATCTA	ATAATACATA	CATGTTGATT	1020
5	TAAATTAGCA	TGCGTTTCAA	CTATCGAATT	AATGGCTGTT	CTACCTATTG	ATGCTCCTGT	1080
	AATATTTAAA	AGAACATCAC	CATAGTACGT	TCTACTATTT	TTCATCTCAT	CATCTATATC	1140
	TTTACTAATA	TAAACTAAGT	CATTAAGATT	TAATTTACCA	TTTCTAATAT	TTTGACTCCT	1200
10	TAAAAATGGT	ATGCCTTTGT	TTGTATAGTT	TTCACTTCCA	CCTTTGGGAG	TCTTTCCACT	1260
	ACCTATTTTG	GTAAGTAAAG	TCCCTAACTT	CTTCTCTTCC	CATTCGCCTT	CAAATCCTGG	1320
	GAATCTCAAC	TCTGGCACAT	TTTTCGTTTG	TGTATTACTC	ATCTTTCAAC	ACCCCAAGTT	1380
15	CTTTTCAGGTA	TGCATTGATT	TCTTGTTCAA	TTTCTGCGAT	TTCTTTGTCTG	ATATTTTTCA	1440
	AATCTTGTTG	GACTTGATCT	AAATCAATTG	GTGCTTCTTC	TTCGAATGTA	TCAACATATC	1500
20	GCGGTATGTT	TAAGTTGTAA	TCGTTATCGG	CGATCTCTTG	TAATGTCGCG	CTGTAGCTAT	1560
	ATTTATCAAT	CGTTGCCTTA	CGCTTATATG	TGTCTATAAT	ACGTTGACT	TGGGCATCGC	1620
	TTAAATGGTT	TTGATTTTTT	CCTTTTCAA	AATCATTGGA	TGCATCGATA	AATAGTACGT	1680
25	TGTCGTCTTG	TTGGCGACAT	TTTTTAAATA	CTAAAATACA	TGTTGGAATA	CTTGTCCCAT	1740
	AGAAAATATT	GGCTGGTAAC	CCAATCACGG	CTTCTAAGTA	GTTCTTTTCT	TCTATTAAAT	1800
	AGCGACGAAT	CACACCTTCT	GCGGCACCAC	GGAATAATAC	ACCATGTGGG	aGTACGACTG	1860
30	CCATGGTACC	TTCATCGTCT	AGGTAATGTA	CCATGTGTTG	AATAAAGGCA	AAGTCTGCTT	1920
	TGGaTTTTGG	CGCAAgCTTG	CCGTAACCAC	TGAATCGTTC	ATCATTTTCA	AATTTTGAAT	1980
35	CTGCTGTCCA	TTTCGCACTG	TATGGTGGGT	TCGCAATAAC	CGCATCAAAT	GTATTGCCTA	2040
	AAAAGGCTGG	ATTTTCCAAT	GTGTCATCAT	TACGGATCTC	GAAGTTCTCA	TAACGCACAT	2100
	CATGTAATAA	CATATTCATG	CGTGCTAAGT	TGTATGTAGT	ATTGTTACGT	TCTTGTCCGA	2160
40	AATAACGATA	CACTTGCGTT	TCTTTACCAA	CACGTAACAA	CAATGAACCG	GAACCACATG	2220
	TTGGGTCGTA	CACGTGACGT	AATTTATCTT	TACCGTCTGT	GACAATCTTC	GCCAGTATCT	2280
	TAGATACTTG	TTGTGGTGTA	TAGAACTCGC	CTGCTTTTTT	ACCCGcTGTC	GCCGCAAAGC	2340
45	GCCCCGATTAG	GAATTCATAT	GCATCACCTA	ACATATCAAT	TTCCATGTCA	CTGTGAACGA	2400
	ATGGTAAGTC	GTCAAGATTA	ACCATGACTT	TAGAGATTAA	AGCAGTACGT	TCTTTGACAT	2460
	TGTTACCTAG	TCGCGTTGAA	CTCAAATCCA	TATCGCTGAA	CAGCCCGATA	AAGTCATTTT	2520
50	CACTTTCTTC	ACCTAATGTA	GATGTTTCAA	CTTTGCGAAT	CGCCGTCGCT	AGATGTTCTA	2580
	TATCGAAATC	TTGCGTTTCA	ATTCACGAA	TCATCGCACT	GAATAAATCT	TGTGGCTCAA	2640

55

	CCCATGCTTC TTGATACGTG ATGTCTTCAC CTGACAAGGC ATCTGCATAT TCTTGTTCCGG	2760
	CTTTTTCAGA TAAGAAGCGA TAGAAAATCA AGCCTAAAAT GTAATTACGG AATTCACCTCG	2820
5	CATCCATGTT CCCTCTTAAA TCATTGCGAA TCGACCATAA TTTTATATGT AATTCAGCTT	2880
	GTTGCTGACG TTGTTTTTCA GTAATAGACA TGTGATTCCT CCGCCTTTGC ATAAGTAATT	2940
	TATCTCTTTG TGTAATAGAT TTATTATAAC ATTTGGTTAT GTTGCGATGT TGATAATTTG	3000
10	GATGTTGGTG GTGGAAATTT TGAGTTTTAG TGGCGCAATT GTTATTGAAA AATTTTATAG	3060
	AAATGTTGTA GCTTTCAAAT GCTTTCAAAA TCATTTATAT TCTTAATGAT GTCAAAAAGT	3120
	TGTTCAATTCA TACATAAATA AAACCAATCA ACAATTGAGT TGGTGAAAAT CAATCGTTGA	3180
15	TTGGCTTTGA TGCATATTAA ATAATGCAAT ATATATTAAT AAATGTTAGT TATAGTATAT	3240
	TTTGTGAGGA TTGGGTGAAT GTCTAAGTTT TAATTATTTA TCTAAATTAT CTGCAATGAA	3300
20	TTTCTTAATT TCAGGAGAGA AATAAACAGC AAATCCTCTT GTGCTTTCAC CTGATGGCTT	3360
	ATTACCGGCA TAGATTACAC CAATAGCTTC GTGTTTACTA TTTAATATAG GTGAACCAGA	3420
	GCTACCAGGC TGAATAATTG CATCCGATGA CACTATATTC CCATTCACTG ATAATACTTT	3480
25	ACCAGTTGAT TCATACATTT GTAGTTTATT TCCATTAGGA TTTGGATAAC CAATGACTGA	3540
	TATAGGTTCA TTTTCTTTAG CTTCTGATGC TATATTAAAT TTACTAGTGA AATCTTTGAA	3600
	TTTTCTACCT TTTGGTTGTG TTGATTTTTT TCAACTTGT ACAACCGCAA TATCTTCTTT	3660
30	ACCAGGATAA TCTACAATCT TAGTAACTTT ATAAAGTCCA CCACCGTTAT TATAAAAACC	3720
	ATTAGGATGT GCTTTGATTT CATCACCGAC TTTCATGTGA TAGGTAACAT GTTTATTGGT	3780
	AATGATTGTA TGATTTCCAA CTACAAATCC TGTTCAGCG CCCATCCATG TAACACCACT	3840
35	GTATGGTGCA ACATTTGTAT TTGTAATTTG TTAAACAGTA TTTTCGGCTT TGGCTGTTTG	3900
	TTGAATACCT TCAACCATTG TTGTGCCGAC ACCAGTTATT GATGTTAAAA TCGTCAATGC	3960
40	TGCAATACTT TTGATGATTA TATTTTTAT	3989

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 817:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                            |
|----|----------------------------|
| 45 | (A) LENGTH: 904 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid     |
|    | (C) STRANDEDNESS: double   |
|    | (D) TOPOLOGY: linear       |

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 817:

CGTTGAGCAC AGTTTTAGAT AATAGATAAT CTTGCTCTAG TTGTTGCAAT GTCTGCGATT	60
---	----

TATGCGTGTA ACGTTCAGTT ATCGTTTCTA AGGTATACTG AGATGTATTT AATTGATATC 180  
 CTTTAGATTT AATACTTACG ATGATATCAT CCATAAAATT GCTATTGATA ACATGGATAT 240  
 5 CATTGCGAAC TGTGCGGTTT GAAACATTGA CATGTTTAGC AATTTTCTTA GAACTAATGT 300  
 GCTTTGATGG ATTTTAAATA AAAAAGTGA GTAGTTTAA GTGTCTATCA AGCATTTAAC 360  
 ATGTACCTCC TTTCTAAATT TTTCGTGTAA GCGTTTAA GGGTGTATTA ATATTATTAA 420  
 10 ACATGAGAGC TTATACATAC GTCAATGACA TTAAAGCGAA CTTTATATG ATTTTAACAG 480  
 AGTGCGAATT ATGCAATAA AGAACAGCAG TAAGATATTT CAAATAGAAA AATATCTCAC 540  
 TGCTGTTTTT CTGAATTTAT GCATCTGGTA CTTGTGGACG TATCAGGCAA ATGATTAATT 600  
 15 TTTAGGTGAT TGTGCTTGAG GTGTTTGTGTT AGAAGGCGTA TTGGTATTAT TTGATTTATT 660  
 AGCAGGTGGT GTGTTCTGTT GTTGATTATT TTGGTTGTTT GTTGACGATT GACTGCCACC 720  
 20 ACCGTGAGTA TTATTTTTAT TTGAATTTGA GTCTTTTGGC TGAGCTGGTT GCGTATTCGA 780  
 TGGTACTGTT GAATGGTTGT TAGGAACATT TGACGGTGAA GATGGTTGAT TGTCATTAGT 840  
 AACGTTATTG CCATTATTTT GATTtTTATC TGTTTTGTCT GCACTATCAT CTTGTTGATC 900  
 25 ATTT 904

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 818:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1104 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 818:

TTTAACAtGa TAATAAAAAA TCTTTTGTTA TATCATTAGG AATATTTGAT GAACTTGATA 60  
 40 TTAAGGTAC ATTTTGAGAA ATGGACTTAG GGATATTTCC ACTATTATTT AGTAAGAAAT 120  
 CTTTAGCTAA TAAAGATTTT CCTACACCAT TTTTACCAAC AATGTGATTG ATCTGACCAA 180  
 GATAGAAATT TAAATCACAA TTGTCAACTA GTTGTGTTGTT TTTAACTTTT AAAGAATAGT 240  
 45 TATTTAGTTT CATGTATACA ACTCCTATGT ATAAAGGGAT TTATTACACC GATATTTAAT 300  
 TGTATTTTTTA AAAATTCTtTT CACATTATGT ATAGAwGTTA TAAATTAGTA TATCaCACTA 360  
 TATTTtGkCT AAATGATAAA TATATCGTTA TATTTTTACA ATATTCTGAA ATTTATGTTC 420  
 50 GCCTCTGAAT GCTATATCCA GTGTAATGTG TTTTGCATAT ATGAAAGCAA TTTCAAAATG 480  
 TGAATATAGG TTCATTGTGG TATGACAAAC TTCATTGCTT GTCATGAGAT GGATATAATG 540

55

GACGGGACGT TTTTAGATTG AAAAAAGACA TATGATAAAC TTAGATTGGA AGCGATTTTT 660  
 ACTGAACTTA GAAATAGAGA TATTACATTT ATTGCTGCGA GTGGCAATCA ATATGCGAAG 720  
 5 TTGAAGTCTA TTTTCGGGGA TAGAGATATG TATTTTATTT CTGAAAATGG TGCAGTTATT 780  
 TATAATGGCA ATGAGTTATA TAATTATAAA AGCTTTAATC GTCAGGTGTT TCAACAGGTT 840  
 GTCGATTACT TAAATATGAA GCAAAGTATT GATCAACTCG TCATCTGTGG TTTGAAAAGC 900  
 10 GCGTATATTT TAAAACATAC TTCTGAAGCG TTTAAAGAAG ATACGAGATT TTATTATCAT 960  
 CAGTTAAAAG AAATTGACAG TCTACAGCAA TTACCTGAGG ATGATTATGT CAAAATAGCA 1020  
 15 TTTAATATTA ATCGTGAGAC GCATCCGAAT GTTGACGAAG AAGTAGCAAC GCAATTCAGC 1080  
 AATGATATTA AACTTGTCTC AAGT 1104

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 819:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1425 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 819:

CCChTTTTAC GGATTAAngG CTTTTTCCTA TTTAAACCT ACGGCATTTT CTTTCAACC 60  
 30 ACGGCGGCTC CCATATGGAT GGTATnGGGA TTGGGGTTTA TAAATGGGG ATTGGAAATG 120  
 GTCCATCCTA AATACTCAGT TTAGTGCTTA TTTCTTTAG TGCTGACGAA TAAATATGAT 180  
 35 CTAACCTCTAC GAAACCTAAT AACGTATCAA ATGCTTCATC ACCATTTTCA AATTTACTTA 240  
 AACTATTTTT AAAATCATGT CGCAAATCCT CTAAATATAG TGATGGTTTT CGATCTACAT 300  
 ACATTTTTTAT ACTAACCTCC GATATATAAT CATCTTTATT GTACCTAACA TTTTATTAAG 360  
 40 ATAATACTAA TACACTATCG AACTTTGGGC TGATACTGAA ACAGCACAAA GAAACTCAAA 420  
 CAATTCGAAT TATGTATCAA AACCTTCAAT TACAGGAAGT GATTTTAAAA TGATTTAACG 480  
 CAAAAAACA CCTGTTACCG TTATATAGGT ACAAGTGCTT AATTGATAGA GATGTTATAC 540  
 45 GTCTTTAAAT GATTCCACAA CTTTGGATG TGGACCATCC ATAAGCGGTT CTCTTTGTCG 600  
 AACGCCACCA CTTTGGTTGC CAATTGATTC GCTATCAAAG TACGATTTAT CTTGATTGTA 660  
 TTGTTCTTGA ATATGTTCTT CATTATCAGT TGTTGCATAT TCACTATCCA CCTCTGTTTT 720  
 50 TTCCATTGTT GCTGTATGGA ATTGTACGAA GTTCTCTTCT TCTAATGCTT TGATTTCTTC 780  
 TTTGATAAC GCTCGATACC AATCTTTCGC TTTTTTCGCC GCAaTAGGAa CAaCaTCTTT 840

	TACTTCAAAT TCTTTCCATT TTTCGGGGTA ACCTTTCATT GTAAAGGGCA TTCCCTTAAC	960
	CTCCAATATG TTATAATTCA TGTTATATAC CACCATAATT ATAAAATGAA ACATATTAAA	1020
5	CACAATTTTT TAGACTCCCG TCATAATAAC TTCAGACAAA CGTTAGTCTG ACCTGATAAA	1080
	TATTTAATTT TAAACGTCT TGTCTCTCTC ACGAAAACCA TTGTGTTGAA TATTCATCAT	1140
10	TGCTGATTGA ATATAATTAT ACTGTGGTAA ATCTGGTAAT ATCTTTATTT CTAATTCTGT	1200
	ATTTAATTCG AAATGCTTAG CGATGTTTTT AAATATTGCT AAATACTCGC CCATTAATTG	1260
	TTCAATTTATT GTAAGTCTAT CTTCATTAGC CATGGCTCTA TTTAACATAA AGCTAATTTT	1320
15	TTCTAATGCG AATAAGCTAG GATAATAATT TTGAATCAAT GTCTTATCAC TAAATAATTC	1380
	ACCATTAGCT GCATTATAAA CTTGCGTGCA TGTTATTTAA TTTGC	1425

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 820:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1165 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 820:

30	nCGnCCCTTAT ATATGTTTTT CATGTCCTAC AAAAAACGAA ATATTCCAAT TGCCTATATA	60
	CAGATATTCA TTAATGACAC ACTCAATAGC AACCATnACA ATATTATGTT ACCTATTTAA	120
	ATGAAATAGT TCTTTTAAAG AAATACATTT TTCACATATT AATCTATAAT CAAAATCAAC	180
35	TGACCGATAT TCTATAATTT ATGATTAAAA TAAGTTATAA TATAATAGTA AAGATAAAGA	240
	TAGAGGTGGC TATAATGTGT GGACTTAGAA GTATAACATT AGGTACaACA AATATAGAAC	300
	AGACaAAACa TTTCATGGTT GACATATTAG GATTAAATTA TGAAGAACTT CTTGAAAAC	360
40	CAATTCGTTT CGGCGATGCA GATATAAGCC CAGGAACAAG ACTTCAATTT ATACAAGTTC	420
	CAAGTGAGCA ATTAGAAGAA TCTCACTTTG TGGGTATTGG ATTACGTACA CCAACTGACT	480
	CAGGTTTAGA GGAGTATGCG GAAATATTAT CGAATAAGGA TATTCCATTT ACAACAGTTA	540
45	AAGAATTAAA TGGCAATAAA TATTTTCAGTC TCGAAGATAA CAATGGTCAT ATTTTCTCAA	600
	TATATTCAAA CGAGAATAAT TATGGCGTTG GTTTAGGTAT GCCTTCTTyT GAGAGTGGCG	660
50	TCAATCCGTT ACATCAAGTG CAAGGTTTAG GACCAGTGAT TCTTAAAGTG AATCATGTAG	720
	ATATTACAGG TCAAATTTTA ACAAATATAT TCGGACTTGA AGTATTTGCA GAATACCAAC	780
55	CCTTCGACAA TGCTGACTAT CATGTCCAAG TATTCAAAGT TGGAACGGGT GGTCTAGGTG	840

ATCAAGTTGA GTTTGAAACG AAAGATGCAG ATTTCTTTAA TCAAGCGAAA TCGCGCTTAG 960  
 ATGAAGTGA AATACCATAT CAAACGCTTG AGCAAGATGA TATTGAATCA ATTAGAaTTA 1020  
 5 CTGAAAACAG TGGATTATCG TTTATATTCA CTTTACAAAA ATAATTTTTT TACGATAGCG 1080  
 AGGACAAAAT TTATGTTACA TGAACTTGG AAAGAACGTA CACCAATCAA GAAAGTAGAA 1140  
 GTCATTAATA CAGATGCAAA GAAAT 1165

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 821:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 821:

TCGCCCAATT ATTATGAAAT ATTCAATACA GTTTATTGAT CAAAAACAA AAATCCATTA 60  
 TGAACCTTGT CATCACGAAT ATTAAGTAC GTTAGATGGA CCTCTTTAAT GATAGAACAA 120  
 25 TTAATAAATA ATGCACTTAA GTATGCGAGA GGTAAGATA TATGGATTGA ATTTGATGAG 180  
 CAATCCAATC AATTACACGT AAAAGATAAT GGTATCGGTA TTAGTGAAGG nACTTGCCTA 240  
 AAATATTTGA TAAGGGCTAT TCAGGTTATA ATGGCCAGCG CCAAAGTAAC TCAAGTGGGA 300  
 30 TTGGTTTATT TATCGTAAAA CCAATTTTCA ACACACACAA ACCATCCGTT TCCGTCGTAT 360  
 CTAAACAAAT GAGGGTACAA CnTTACGAn TnCCATTTCC 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 822:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 760 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 822:

TGATATAATA CTTTTGTAAA GAAAAGCATG TGTGGGAGGT ATGACCTGTA TGTCGAACGA 60  
 AATACTTATC GTAGATGATG AGGATAGAAT CAGAAGATTA CTTAAAATGT ATTTAGAAAG 120  
 AGAATCTTTT GAAATCCATG AAGCAAGTAA TGGCCAAGAG GCTTATGAAC TTGCAATGGA 180  
 50 GAATAATTAT GCTTGCATAC TACTAGATTT AATGTTGCCT GAAATGGATG GTATCCAGGT 240  
 GGCAACTAAA TTGCGTGAAC ATAAACAAAC ACCGATTATT ATGTTGACTG CTAAAGGTGA 300

TTCACCAAGA GAAGTAGTCT TAAGAGTTAA AGCACTTCTA AGAAGAACGC AATCTACAAC 420  
 TG TAGAACAA AGCGAACCTC ACGCACGTGA TGTGATTGAA TTAAACATT TAGAAATAGA 480  
 5 TAATGATGCA CATCGCGTAC TTGCTGATAA TCAAGAAGTT AATTTGACTC CTAAAGAGTA 540  
 CGAATTATTA ATATATTTAG CTA AACACC AAATAAAGTA TTTGACCGTG AACAAATTATT 600  
 AAAAGAAGTT TGGCATTATG AATTCTATGG TGATTTAAGA ACAGTTGATA CTCATGTTAA 660  
 10 ACGcTTAGAG AAAAGTTAAA TCGTGTGTCT AGTGAAGCTG CGCATATGAT TCAAACAGTC 720  
 TGGGGCGTTG GGTATAAATT TGAGGTTAAA TCTAATGATG 760

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 823:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 465 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 823:

25 CAAAGGAAAT TGCACAATTA GAAGACCGAT TACGTTACAG CTTTGAATGG GGGCTAATTG 60  
 TTGATATTAC GCCACCAGAT TATGAACTC GAATGGCAAT TTTGCAGAAG AAAATTGAAG 120  
 AAGAAAAATT AGATATTCCA CCAGAAGCTT TAAATTATAT AGCAAATCAA ATTCAATCTA 180  
 30 ATATTCTGTA ATTAGAAGGT GCATTAAACAC GTTTACTTGC ATATTCACAA TTATTAGGAA 240  
 AACCAATTAC AACTGAATTA ACTGCTGAAG CTTTAAAAGA TATCATTCAA GCACCAAAAT 300  
 CTAAAAAGAT TACCATCCAA GATATtCAAA AAATTGTAGG CCAGTACTAT aATGTTAGAA 360  
 35 TTGAAGATTT CAGTGcAAAA mAACGTACAA AGTCAATTGC ATATCCGCGT CAAATAGCTA 420  
 TGTcTTGTcy AGaGAGCTTA CAGATTTCTC ATTACCTAAA AATTG 465

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 824:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 355 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 824:

50 CACCGCGGTG GCGGACGCTC TAGAACTAGT GGATCCCCCG GGCTGCAGGA ATTGGGCACG 60  
 AGGTAAGGAG GTCTCTGTAC CATGGCTCGT ACAAAGCAGA CTGCCGCAA ATCGACCGGT 120

GGAGGGGTGA AGAAACCTCA TCGTTACAGG CCTGGTACTG TGGCGCTCCG TGAAATTAGA 240  
 CGTTATCAGA AGTCCACTGA ACTTCTGATT CGCAAACCTC CCTTCCArCG TCTnGTGCGA 300  
 5 GAAATTGCTC AgGACTTTaa AACAGATCTG CGCTTCCAnA GCGCACTATC GGTGG 355

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 825:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1099 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 825:

TTCACCTGGC TTGTTGAcTG ACTTGTATaT GATGATGTGC TTTGTGAATC GGATTCGCTC 60  
 20 GTGCTTGAC TTGTTGAGTT TGAGGCACTT TGGCTTGCTG AGTTTGAGTC TACTCCGCTT 120  
 TGATTCATTG AGGCACTTAG TGACAATGAT GTACTCGTTG AGTCAGACAA ACTTGTA CTC 180  
 GTTGACGTAC TTGTACTTCC TGATGTTGAT TGAGACATAC TTATGCTCAT TGATGTTGAA 240  
 25 TCGGATTTAC TTTCACCTGA TGATGTTGAG TCGGATTCAC TTTCACCTGT AGAACCACCTT 300  
 AATGATGTGG ATGTACTAAT GGAATCAGAT TTACTTGTAC TGATTGAATC ACTTGTCGAC 360  
 ATTGATGTAC TTAATGAATC AGACTTACTA TCACTTGTGG AATCACTTAA TGATGTTGAC 420  
 30 AAACCTGTAG AGTCAGACAA ACTTGTA CTC GTTGACATAC TCAGTGATGT TGAAACACTC 480  
 TCGCTCTTAA ACGTTGACGT TGATTCACCTG ATACTTGTCTG ATGTTGAAAT GGACGTACTA 540  
 CCACTTGTTG AATTACTTAA TGATGTTGAT GTGCTACCAG ATTCTGATGT ACTGTCTGAT 600  
 35 AATGACGTAC TCTCACTTGT CGAACTACTC ACTGACTCTG ATGTTGATTG AGACGTACTT 660  
 TCACTTAATG ATTCACCTAA AAAGGCAGAT GCACCTTGTG ATTCTGAATC GCTAGTACTA 720  
 40 TTTGATTCAC TTAATGATAT AAACGTGCTC TCTGAAGCAG ATATTGCTTC ACTTATAGAG 780  
 TCGCTCGTTG ACGTTGATTG ACTTATTGAA TCAGACTCTG ATGTACTTAA GCTTGTTGAA 840  
 TCACTCaTAG ATGTTGaTGT ACGTTCTGAA TTACTTGTAC TTAACGATGT CGAAGTACTT 900  
 45 ACCGAACCAG ATGTGCTCGT AGAAGCACTT TgTGATATTG ATTCACCTGA TGCAGTTGAT 960  
 GCTGATTTGC TATCACTCGT TGAATCACTA AACGACGTTG ATATGCTCaT TGAATCGGAT 1020  
 TGACTTGAC TCAntGAACC AGACGTACTT TGTGATTCCG AAGTACGTAC TGAAGCACTT 1080  
 50 GTCGACGTTG ATGTACTTG 1099

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 826:

(A) LENGTH: 338 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 826:

10 TATGCGTATC CTGATAGTCA CTTTGATTTT GATATGGAAT TAGCGAAAGA GCAATCTCAA 60  
 GACAATCCAG TTTACTATGC TCAATATGCA CATGCGCGTA TTTGTTCAAT TTAAAAACAA 120  
 GCGAAAGAGC AAGGTATTGA AGTGACTGCT GCGAATGATT TTACAACGAT TACTAATGAA 180  
 15 AAAGCGATTG AnTTGTTGAA AAAAGTAGCT GATTCCGGAnc CTACAATTGA AAGTGCTGCT 240  
 GAGCATAGAT CGGCACATAG AATTACTAAT TATATCCAAG ATTTAGCCTT CTCATTCCAT 300  
 AAATTChATA ATGCTGAAAA GTGTACCAGT TGGTATTG 338

20

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 827:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 838 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 827:

30

GTATTTTCTT TCGCGAATGA TTTTATTACT TGAATACCAC GAATAACCTC CAATACCTTT 60  
 TCCACTAATT GGTTTTGTAC ATTATGATAC GcTGGCGCAT TTTGTGACT CTTTCTTTCT 120  
 35 AATAATTGAA TCGCAAAAAA TGATAGTAAT ACGCCAATGC ATGCTAATAA TGATACTTGC 180  
 CACGAACTA CAAGTAGAGA CAATATGAGT ACTGTAATTA ATATGTATCC ATTAACAACA 240  
 ACGTCCACCA TTTTCATAGC AAAGTTTTCT AAAAAGGTTA AATCTGTTGT TACTATTGTT 300  
 40 GTTAACTCAT TTGAATGATG CGAATTAAAA TAACCTAACC TTACATTTTT CAATTTATCC 360  
 CCTATATCTA AACGTTCTTT CGCACTCATT TCATAAGCGA TGCTCTCATG GCTTTTGCTT 420  
 TTGAAATATG CTGTAATAAA TCGTCCAATC ACTAATAAAA CCATGATAAT TACAACATTC 480  
 45 AATATATCTT TCATATAAAT AGGTTTATGA GATAGCACAT TATTAAATAT TTTTGCAGCT 540  
 AAAAAGATAG GTAACGCAAT AAAAATAGCA TTAAAAATG ACATGCTAAA TCCTAAAATC 600  
 50 ATTCTTGCTT TATATGGTCT TATCCAGTTT AAAATTTTAA ATGTAATTTG AAACATATTT 660  
 GACCTCCTTT TCTCATTAGT TTAATTATGT CCAGTATTGA TTCCCAATC TTTTGTATGC 720  
 ATGTGCGTAT CCCACATTTT CTTATAATTA CCGTTTAATT TTAGCAATAA GTGATGTGAC 780

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 828:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 898 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 828:

TCCnAAAGAA GAAATAaCAT TATCATaAAA TCCATTGAAT ATAAATTCAG TCATCCCCTC 60  
 TGAACtTCTC CATAAATATA ATGGTGAATA AGTATTTGTA ATGCAATTAG TAGTTGTTTG 120  
 ACTTATTAAA TAAGCTTTTA TAATTAAATT TTTAAATCCA TCAGTCTTAT AACCATTTTAA 180  
 TCGAACTCTA TCTCTAATTA TTTCCATATT GTAATCACTA GGCAACTTAA CATGATATTG 240  
 CATTGCATGC ATTTAGCATA CCCCCTTTTA TAAAAGGAT AGCAATAATA AGTAAATCT 300  
 CATATTATCC AATTGTGATA TAGTTATCAT AAAAAAGTGAT AGGTGATTAA ATTGAACTTT 360  
 AATGATTTGG AAATTTTTAT AACTGTATGT GAAGAAGCAT CTATCAATAA AGCTGCAATT 420  
 AAACCTTAGAT ATGCACAATC TAATATATCT CAAAGAATTA GCAAGCTTGA AAATGAATTA 480  
 GGTGTAGTTT TGCTTTTTAG AAATCAAAAA GGTGCTAAGG CAACTAAAGC AGGCGAAGAA 540  
 TTCTTAGCGT ATAGCAAAAA AGTATTAAGA GATACAGAGA CTATAAAAAA TAAATGAAA 600  
 AATAATACTA TGTCTATTTT ATGCTCAGAA CTGTTATTTA ATTATTTATC TGAGAGCGAA 660  
 GAAATTATGA TGTCGAATAA CTCAATTAAT TTTATTTCTA GTGGAAATAT TAGAAAAGCT 720  
 ATAGAAAAAA ATAATTATGA TAAGGTTATT TCATTCATAA AAaTTAACGA CTCAAATTAT 780  
 AGACTTAGTA ATGTTGATAC TATGaaAGTA ACGCTTTACA GTAATGGAAG TAATTATGAT 840  
 AAAGAGGCTT TACTAATAAA TAAAGATGAG TTTGGTCCTT TAAGGnAAAT AACTTTAG 898

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 829:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 829:

AGTAGGAGTC ATAAATCGn ATTTCAAAAG CAATTAATGC AAAATACTGA GTCTACAGTG 60  
 CTATTTGCCA AAGCGTCcAT ACGAaGTTGA GcAATGCTAA TAATAATGGT CTATCAAAAA 120

AATATGTTGA TAGTTACACT GATTCTCTTA CTGGAGTAAC AACTTCTGCT TTTTAAATA 240  
 AAGATACAGG CAAAGTAACT CTCGGGATGA CTGGGACTAA TTTACAAGAC GAAGCCTTTA 300  
 5 AAAAGTTAAA AGAAGGTGAA TTTTCAAGAC AAAATGTTAC CAATGCTTTG GAAACAGTTA 360  
 AAGATGGATA TGCAGATCTT AAAATATTAT ATTCTCCTGC ATCTGATCAA AACTATAGAT 420  
 ATGCGAATAC ACAAGAATTT ATAAATAAAA TAAAAAGTAA GTATGACATT GATTTTATTA 480  
 10 CTGGACATTC ACTAGGTGGA AGAGATGCGG TAGTCTAGG AATGAGTAAT GGTATTCCGA 540  
 ACATTGTGGT TTATAATCCA GCTCCTATTT CTATAACTAG TTTGAATCCT AATFCCCCAG 600  
 ATGGAAAACG TTTATTAGAA TTATATAAAA ATTATAAAGG TAATATTACT AGGTTTGTG 660  
 15 CAGAAAATGA TGCATTGACA GAAAATCTGA AGAAATATAA GCATTATGTT TTTTTCGGTA 720  
 ATGATAAAGT CTTTAAAAAT GGTAAAGGTC ATGAAATGKa AGGctTTCTG ACCGAAGAAG 780  
 20 AACAAAAAGC tATAAAAn 798

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 830:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 830:

AATATCAATC TCTTCATAAG CTGAATTATT TTCATGCACT TCTTGATGTG ATGATTTGTC 60  
 35 ACGAACnGCT ACAACTAACA TTTTATCGTC TAAAATAAGT TGTTTATATT TTTCTAATTC 120  
 ATCAGGCGCT AAGTTGTAGC GTGATAAAAC TGCATGTTCA CCATCTTCTC CTGTTAACAG 180  
 TTTAGTCATT CTATCACTAA ATGTTCCACT TGTGAGATA AGGGGAGATT TCAGAGTCGT 240  
 40 GTAAGTCATT AGGTGTAATT TACTTTTACT AATAATTGTT AGCCTGATCT AAATAACTTC 300  
 AGATTCTTTG ATTGATAnGT GnATAATCGC AGTGCATTAC ACAGAATACT GCCAAGTGCG 360  
 CCCTTAAAAT TGTTATTAnC TTACCTCTAT ATAAGAACCC 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 831:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 475 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

AAGTCTGCAT GACTTTTATT TGCAAGTTCG ACTGCTTGAT CAAAAGCGCG ATGATCTTCA 60  
 GGATtAGCAC TTTGAACTGA GCTGAAATTC GGATCAGGTT TACATTGTGC TTCTACAAGA 120  
 5 TTAAATTGAT TGAAATTCAA AGATTGTAAT AACTCAGGTA CAATCGGAAC ACTTGTACCA 180  
 TGCAAACTAG TGAACACAAC TTGTAAATCA GATTTAGGAA TATAGCCAAT CATATTTTGA 240  
 ATGTGTTTCA TATAGTCATC AGTTACAGAT TTCGGAAAAG GCTTGaTATA AGATGTATTT 300  
 10 TGTTTAGAAA tAGGTATATC AATCTGTAAT GGATCGCCAA CTTCTTCGAT ATAACGACTT 360  
 GCAAGCTCAG ATGCATCAGT CGATAATTGC GCACCATCAG AACCATATAC TTTGATGCCG 420  
 15 TTATAGTCTT TCGGATTATG ACTTGctGTA ATCATAATGC CAGCAGTAGT ATTAA 475

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 832:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 724 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 832:

CTTGAATTGA AGGATACGCA AATGATGCAT AATCAGCTTC TGTATAAAGC TGTAATGTAA 60  
 TGTCATCAAG GTCACCTTTT CTAACAAGCA CCTTATTAAT AGAAGTATGA TTCGCTTGCC 120  
 30 AAGTACCTTG ATTATTTTGT TCTAAATGAA TGACTTCGCC TAACGATTTT AACGTAATAT 180  
 CTGCACGCTC GTCTTCGCTA ATAGTATATG TCTTACCATC TCGCAAATTG AGCATCTTCA 240  
 35 ATTGTTTGTT ATATTTTATA ATCAATTTAT GCATTGTCTT TGCCTCAGTC CTATACTATT 300  
 TTTTCTTTT AGCTTCTTGG CGTTTTTCTT TATCTTTTTG TGCTTGTCTT TTTTGTCTT 360  
 TTTGTTCTC TTCTTGTTGC TTAAATTTCT CATCTTTCGC TTTTGCTTTC TCTTCTTCAG 420  
 40 ATTTGCTTTT TTCATCTTTA ACTTGTTTTT CTTTGTCTAA AATATCTTGC AATTTATCGT 480  
 TATACTTTTT CGTTTCTTCA GAACGTTTAT CATTCGATAA ATCTCCGTTA TTTTAAATCT 540  
 CATTTAATTT ATTAATCAAC GCTAACTTTG TAATATCGTT ATCATCTAAA TAAGTGGCAA 600  
 45 TATTAATCGC TTCATCAAGA TGTCCTTGTC CTAATTCCAT CCAATATAAT AAGTAGTCTT 660  
 TGTTTGAATT TGGTGTCACT TTATTAAGTA AATTTTCTTT CGTATCTGTn TCTAAACChT 720  
 50 GTTn 724

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 833:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 994 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 833:

	AGCAGTTTGG CTCGTAGAAA TCTCCCGTCT CTATTCTATG TATTAACTTT TATTATATTT	60
10	GTTATGATAC TATCGATATG AAAGCGTTGT CAATGGTTTT TGAAAAATT TTGTCAAATT	120
	TAATTTTTCA AGTCTTTATA AAAGTAGTTT AATTTGAAAA CTAGAAATAC CAATCCTAAC	180
	TAATTTATTT ATGACGCTCT TTTGTTTAAT TGACATTCTT CAGCCATATT TTTTATGACT	240
15	AGTTGCATTT TTTACTAATA AACACCTCTA AAACTTTAAT GATTTTAATC GTTTTAGAGG	300
	TGCTAATTAT TTTATTTGAT TATTTTTTGT TTGATACCTA CTGCATATCC CATATGAAAA	360
20	CGGCTTTTTT ATTATGTTAT ATGACTAAAT CTCGTGAAAA ATGAAATTTT TGCAGACTTA	420
	TGATTTACCA AAGTTTATCA TAACTAGTAG TTACATATTT CGCTCCATTT TTAACAGCTT	480
	CATTGACTTC ATCTATTGTA TTAATTAGGC CACCTGCAAT GACTTGTGTG TTTGTTTCTT	540
25	TCTGAATATG ATGAATCGCT TTAACGCAA CACCTGGAAG TACTTCAACA AAATCAGGTT	600
	CAACTTTTTT TATCAAATCT ATACTGCGTT TCAATGCTTG ACTATCAATA ATAAATACTC	660
	TAAAAATCGT TAAAGTATTT AATGATTTAG CTTTTTTTAT TACTTTAGAT TTAGTCGATA	720
30	CGATACCTTT TGGCTTGTAT TGCTGAATAA TAAATTCAC TGCAAATTCA TCGTGGCTTA	780
	AACCTTTTAT CAAATCTATA TGAATAAAC ACTCTATATG ATTTTGCTTC AGCAATTCCA	840
	TAATACTTTT TATATGTCCT ATATGCATAT CTAGAAGCAC ACACATTTTA TAGTCTGTnT	900
35	TAATCCAGTT TCTCTAAATC nTTAATGTTT CCTATAAGCA GGCAATATGT TGTTAATTCA	960
	CnTGATCCAT CCTCTCTACA TCACACGCTT AAAT	994

40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 834:

45

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 783 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 834:

50	TcNACAAAGT CGGTATTAGG CTATGGGCCA TTTnACTATT ATAACATC GGAAATATAC	60
	CACATAACAT CATTATTGAG TTGATTCTAT CATTGGCTT ATTAGGGTTT TTTATCATAA	120
55	TGATTTGCAT TTTGCTACTA GTTTATAAAA TGATTAGGAA CTATGATCCA AACACTATAG	180

ATTTAGTTGT AAGTGAATTT TGGTTTGTGT TGTTCTATTT TATTACAAAA GGACGGCGTC 300  
 ATCATGGCTA AGAAAGTTTT TATTATGGAT AGCGTAAAGA CAATAATTGG TACGTTGCTT 360  
 5 ATAGCTTTAG GATTACAATT TTTAGCTTAT CCAATTATTA ATCAACGAGT AGGTAATGAA 420  
 GCGTTCGGTT CTATTTTAAAC GATTTATACA ATAATAACAA TCACGAGTGT TGTATTAGGC 480  
 AATACGCTTA ACAATATACG mTTGATTAAT ATGAATCTAT ACAAATCCAA TCATTACTAC 540  
 10 TGGAAATTTG CATCGATACT TTTAATCTCA ATTCTGATTG AGAGTATAGC TTTAATTATT 600  
 GTATTTCTTT ACTTTTTTAA TTTGAACATC ATCGATATTA TCTTTTTAAT TCTACTTAAT 660  
 15 ATTTTAATGT GTTTAAGGAT TTATCTGAAT GTATTTTTTA GGATGACTTT AAAATATAAT 720  
 CAGATTTTGT ATATTGCTCT TATTCAATTT TTAGGTTTGC TGATAGGACT ATTTCTATAT 780  
 nAT 783

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 835:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 794 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 25 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 835:

30 TTACCTAATT TTTCAATCaT AAGATTCCCC CTATTGTTTA AACaTAAAAA TATTATaCGA 60  
 TTAAGCACGA GmCACTTCAA TATATTTTTT AGAATATTCT TATAAATATT AATATGATCA 120  
 35 TTTCACTATT TAAACACGTT TAATATTAAA ATAAGTTATT CATATAAACT GGTGCTGTTT 180  
 GATCCAATTG CAGACTTACG AGTCATTGAA AAGTCTCACA AACTATTGmA AGTAAAtATC 240  
 TTAAAATAGA AAGTGAATGG TTAATTTAAG TATATTTmAA AAATATTAAC CTTTTTAAGC 300  
 40 ACTGCTATTT AGGATATACT AAATAATAAC TAAGTTTAGA AAAATAGGAG GAACATCGTT 360  
 TATGTTAAAC AAGGTTTGGT TCCGAAC TGG CATCGCTCTG ATTATGCTGT TCATTCTCAT 420  
 CAAACTATTT ATGGAAGTGC ACGAAGTATT TACTCCAATA GCTACAATCA TCGGTTCTGT 480  
 45 ATTTCTTCCA TTTTAAATTA GTGGTTTTTT ATTTTATATC TGTCTACCTT TTCAAAACTT 540  
 ACTTGAAAAA GTCGGTTTTT CAAGATGGGC TAGTATAACA ACAATCATGT TAGCTTTGTT 600  
 50 TGCTATTATC GGCTTAATTG TTGCGTTTGT TGCACCAATC ATCATTTCAA ATATCAACAA 660  
 TTTAATTAGT CAGACACCTG gCCCTACAAA AAGGAAGCAG AGCAAATTAT TAAATTCGCA 720  
 CTGGCTCAAA TGGnTAAATT ACCTGGAGGA TGTAACCAng TGGATTACCA ATATGGTAAA 780

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 836:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 836:

TGTTTATACT GTGCCTGAAT TAGAAGAGGT TTAAACACCT ATGAGACAAG ATGGAAGCTCG 60  
 TGATATTTAT GTTAATTTAG AAAATGTGAG TtATATGGAT TCGACAGGTT TAGGTTTATT 120  
 CGTAGGTACA TTAAGCAT TAAACCAAAA TGATAAAGAA CTATACATTT TAGGTGTGTC 180  
 AGATCGTATC GGTAGACTAT TTGAAATTAC TGGTCTTAAG GATTTAATGC ATGTTAATGA 240  
 AGGAACGGAG GTCGAATAAC ATGCAATCTA AAGAAGATTT TATCGAAATG CGCGTGCCaG 300  
 CATCGGCAGA GTATGTAAGT TtAATTCsTT TAACACTTTC tGGCGTTTTT TCGAGACTGG 360  
 TGCCACATAT GATGATATTG AAGATGCCAA GATTGCAGnT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 837:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 433 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 837:

ATTGATCCAT TTTGCGGTTC GGTACAATA GCTATAGAAG CTtGTTTAAT TGCTCAAAAT 60  
 ATCGCACCTG GTTTTAATCG CGAGTTCGTA TCAGAGCAAT GGAACATCAT GCCAGCAAAT 120  
 ATTTATGATG ATTACCGTGA TGAAGCGGAT AAGATGGCTG ATTATGATAA AGAAATCGAA 180  
 GTATATGCTT CTGATATCGA TCCAGAAATG GTAGAGATTG CTAAGCGTAA CGCTGAAGAA 240  
 GTTGGGTTGT CTGATATTAT TAAATTTAGT GTAAAAGATG TCAATACATT AACAAATTGAT 300  
 ACAGAAGAAC CGGTGGCGTT AATTGGAAAT CCTCCATATG GTGAACGTAT TGGTGaTCGT 360  
 GAAGAAgTtG AAGAAaTGTA CCGTTATATT GGTAACTAA TGAAACAACA TCCATTTTTTA 420  
 TCTACATACA TTT 433

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 838:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 926 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 838:

	ATTGGGCCAA CTAATCCTGT ATATCCAAAT CCAGCAGACA ATGGTGTTC TTTAACCTGA	60
10	AGAACGTAAG CAATGATTCC AGTAATTATT CCATTTATAG TCAATGGTAT CGAAATAATT	120
	AAATTTTTC AGTAACTGG GATCATCATT TTTGCAGCTC CTATGAGTAA AACTGCATTT	180
	ACACCAATAG AATTGACAG CAATGAGCCA AATAAGAAAG TAACACAGGC AGCCACTATA	240
15	CCTAGGTTTG CTGCTCCACT TCCTAGTCCG TTTAACTAA TCGCAGTTGC AATCGCTACT	300
	AACGATATTG GTGTTACCAT TAATAATGAA AATGCCACAC TAATAAGTAT AGACATTAAC	360
	AACGGATTTA AGTCTGTAAA AGAATGAATT ACATTTCCAA TTGCTTGAGT AATTTTTCGA	420
20	ATGTAAGGTA ATGTGATTAG ACCGATACCC CCACTAACGA TAGGTACTAA AACTGGTAAT	480
	ATAATTAATT CAAAAGATCC AAGTTTGTTT TGTAAATACCA TATATATAAG ACATGCAATA	540
25	ATAACAACCA AACTCGTATT TATAATGtCa CCTATACCTT TTAACATAAA ACTATTATTG	600
	CTATATACAA CAGCACCTGA ACCAATCATA GCTGATGTAC CTACTATAGC AGCACCTGCA	660
	CCATTAAATT TAAATTGATG AGCAGCTAAA ACCCCAATAA TAAATGCCAT AAATGATTGA	720
30	ATTAGTATCA CTAAGTATA CGTTAATTCT AAAATTTTCAT TACCACTTTT AAATATTTTt	780
	AATACTTCAC CTAATAAAGC ATTCGGAACA AGTGCAATAA CAACACCAGC ACCAATAGAA	840
	TTTAAAATCT TACTGAAAAA CTGTTTATTA TCAGCATTAT TTGCGTTACT CATAAACGAC	900
35	CTCCAATTTG AACATTAnAC TCATCA	926

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 839:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40	(A) LENGTH: 400 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 839:

	CTTCGAAACG TACTTGGTCA TTCCCTTTAC CAGTACAACC ATGTGCAATA CCTACTGAAT	60
50	TTGTTTTCTC AGCAATCTCT ACTAATTTTT TAGCGATTAA TGGTCTTGAT AAAGCTGAAA	120
	CTAATGGATA TGCATTTTCA TACATTAAAT TTCCTTTGAT TGCATAACTT ACATACTCAT	180
	CACTAAATTC TTTTGTGCA TCAATAATAT GACATTCAAC TGCTCCATA TCTAAAGCTT	240

55

CGTATCctTT GTCGATAAGC CATTGAACGG CCACACTTGT aTCTAGtCCt CCKGAATATG 360  
 CTAACAAT TTTCTCTTTC ATAAATTCA CCTCATTGTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 840:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1043 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 840:

GGATCGCGGT GTTGTGCTTG ATATACTTTG TAGCGATAAC GTTTACCTAC ACAATCATAA 60  
 CGACAATGAA AATCGTCATC GACTGTAAC ACATTGTTGA CATAAATATC ATCAGGTAAC 120  
 GTTCGGTTCA TTGCATATTG CCATTGTGAC ATAGGTATAT TCAGCTCTGT GTCGAAATGA 180  
 AAGTATTGCT GTATCGCATG TACACCTCTA TCAGTCCTAC TTGAAGGATG GATTCTCACA 240  
 TGTCTTTTAT GCATGCGTTG TAATAGCTTT TCAAATTGTT GCTGTACCGT TCGACCATTT 300  
 TGTGAATTT GAAAACCTAG AAAATTATTT CCTTGATACG CAATTCTCTAC TAATATACGC 360  
 ATGAATTAC ACTCCTGAAT ATTTAATAC GAATAAAATA ATTGCAATTG GGATAATCAT 420  
 GGTAAAGAT ATCGTATCTC TCAATTGCCA TTTAAGCTGT CTGTAGCTCG TTCTCTTAAC 480  
 ATTGGCATCA TAACCCCTAA CTTCCATTGC GACCGCTAAT TCTTCGGCGC GTTGGAAAGC 540  
 TGAGATGAAT AGTGGCACTA GTAATGGAAT AAATGATTTA ATACGTGTTG CAATGTTCCC 600  
 TGAACCTATT TCAGAACCAC GCGACTTTTG CGCCAAAATG ATTTTATCTA ACTCATCCAT 660  
 TAACGTCGGG ATGAATCGTA ACGCAATGGA CATTATCATA CTTAATTGAT GAACTGGTAA 720  
 TTAAACATC tTTAGTGGTG CAAGTAATCT TTCAAACGCA TCTGTAAAT CAATTGGACT 780  
 TGTAGATaGT GTCaTAATTG TTGCAATCAT TAcAATCCCA ATTAAACGCA GTGrTATATA 840  
 TAGCCCTTCT AAAATACCAT TAGTTTCAAT CGTGATGCCA TGCCATTCAA CTAATACATA 900  
 TCCACCTTTA GTTAAAAATA TATGCATCAT TAATGTGAAG ATTAAAAAGA AAAATATTGG 960  
 TGTTAAACCT TTGATTAGGA ACCATAATTG AATTTTGTCT AATCTCATAA TGAAnAnGAT 1020  
 AAGTGCAAAC ACCCAAAGAT ATG 1043

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 841:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 343 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 841:

5 TCGAAATCAA ATTATAATAG ACAATTTTAG GAGGTGGACT TTCGATGACC AAAGGAATCT 60  
 TAGGAAGAAA AATTGGGATG ACACAAGTAT TCGGAGAAAA CGGTGAATTA ATCCCTGTAA 120  
 CAGTAGTAGA AGCTAAAGAA AATGTTGTAT TACAAAAGAA AACTGTAGAA GTTGATGGAT 180  
 10 ACAACGCAAT CCAAGTTGGA TTTGAAGACA AAAAAGCATA CAAAAAGAT GCAAAATCTA 240  
 ATAAATATGC TAATAAACCA GCTGAAGGTC ACGCTAAAAA AGCTGACGCh GCACTGAGAG 300  
 nTCCCCTCAT AATTTCCCCA AnCGTAACCA TGTGTGAATA AAT 343

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 842:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 430 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 842:

25 ATGAGTATTT TAATGATGCG CTACGAGCGT ATGGTCTTAC TGTGAnAACA GGTGAATTTG 60  
 GAACACACAT GAATGTTAGC ATAAATAATG wtGGwCagTC TCTGGTAGTT TAGAATTAGA 120  
 30 AGAATTAAAG CAATTTAGAC AATGGGGTTC TAAACACCA GGTCATCCTG AATACAGACA 180  
 TACAGATGGT GTAGAAGTTA CTACCGGACC ACTTGACAA GGTTTTGCTA TGTCmGTAGG 240  
 ATTMGCTTTA GCAGrAGATC ACCTAGCAGG GAAATTTAAT AAAGAAGGAT ATAATGTTGT 300  
 35 AGATCATTAC ACATATGTAT TAGCTTCTGA CGGTGATTTA ATGGAAGGTA TATCGCATGA 360  
 AGCAGCTTCA TTTGCTGGAC ATAATAAATT AAGTAAATTA GTTGTTTTAT ACGATTCAAA 420  
 40 TGGATATTTT 430

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 843:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45 (A) LENGTH: 329 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 843:

50 GGACTGCCCCG ATGATTTGAC AAATGAATTG CTGATTTGAT TTATATATTA TCTGnAATTA 60

55

TCATCTATCC AACAAATATGT CTTATCAATG GTATAGTCTT TGCACACCAA TGGAGGnAAA 180  
TAAATCTCAA CCTTACTATA TTAATATATA ATCAAATCTT AGATTAACTA GTGTAATGAT 240  
5 ACAGATGGAT AATTGAGTAC AAATTTAAAA CCCTGAGATT TTCGCTTTAA TTTGAAAACC 300  
TCAGGGnTTA TTTGATTTTT ATATAATGA 329

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 844:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 400 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 844:

20 AGATGAAGAA AGTGTTCAT CGATTATCTT AACAGTTGTT GCTTTATATA CTACanTTCT 60  
TCCTAGATCT TGTACCGTTG AAAAGAGACC TGTTGTAAA ATCTTAATTG ACATTTTCAA 120  
TCACCACCCA GTCATCAACA TTAAAGTTGC CATCTGATAT ATCTCTTTCG ATTTGTATAA 180  
25 ATTTCTGTTC ATCTATTGCA TAAAATTGTA TCCATTCTCC TGCTTCGTAC ATTGACATTG 240  
GTTACGCTC GCTGCTAAAT ACTTTTAACG GTGTGCGTCC AATAATTTGC CATCCGCCAG 300  
GGAAATCTGA TGGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTCGCAA TACCTACAGA ACCTGGCATG 360  
30 AATTTTTTAA CCTTGGGcng ATTACGTCTA nGnGTATGT 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 845:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 535 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 845:

45 CATAAGTCCA GTAACCTTCA ACTGTGTCCT CATCTTTAGT TCCAAATATA TCAACGTATT 60  
TATTTCTTAA CTGATTAATG TTTCCCCAAC TCTCGGATCC AAACACTTGA ATATGACTAT 120  
ACCAAACCCA CGTTTGCAAT GTTGCATGAA TGCTACCATT GGGCTTTTGC CATAACCATT 180  
50 TTCCAGATAA TGAAAAATGC GGCTGAGTGT AATATTTGAT TAGTTCATTG ATATTAGTCT 240  
CGTTTTCACT GATATTATAG GCTTTTGCTT CAGATGAAAA ACTGATTGGT GTTTTAGGAA 300  
GTTGTGTTGA TGTAGTTTCT AAAAGTAACA ATGCTGTTGA TAAACTAAT TTATTCATGA 360

ACCGATTCCG AATTAAATAA AAGCTAAAAC TATGTTAAAT AAAGTTAAAC AGTTAGTAGT 480  
 GTTATTTAAG CAAAAGTTAT CATTTTTAAG TTGGACAGAA CAGATCAATA AGAGC 535

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 846:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 509 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 846:

TCAATCGATC AAATGGTGAT TGACCTTTTA AATTGTATG ATCAAAATAA TGATTGTTGG 60  
 CCATATCTTT ACTATGCTTA CGTGCAGTTT CAGAATTCTG TTTAGAATAC TTCAATGTAG 120  
 ATAATTGATG TTGTTTTCTT TCAGCATTAA CTAAATCAAA ATTTTGTAGT TCAAAACTAT 180  
 CTGCAAGCGA TTTGCATGGT GCTCCATATT GTTCTTTTAA TCTATTTTCC ATAGCATCAC 240  
 TTACTTGTA AAGAGCTGTT ACATTATTAC GTCGATGCTT ATCATAAAAT ACCGTCGTAT 300  
 AAATGTGATT TTTATGGAAA ACATCATATT CTTTATTATT TTGTTTCGTAA CGCACTCTAC 360  
 CTTTAACAAT CTCTGTTTCT GGTTGCGCTA ATCTTTGCCT TACAACCGAT TTAGGTGTAT 420  
 TGTATTTAAT TTTTGATTTT GAAGTGATTA TATTTTGATT TGTATATAAC GCATTAACCT 480  
 TATCTTTCAT GTAACCTATC ATTATAAAA 509

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 847:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 847:

CGTATTGATC TATAAATAGT GTTTAGATGC TATAGTCGGA TGCTTAAGTA ATTTAAAGAA 60  
 AGTATCTTTA ACATCGATGT GTGTATAATC ATTTTATAGAA GTATTATAAT CTTTTTCTTC 120  
 TCCCTTCTAA AATATATACA GGTGCTTCAT CAGCTAGTGG TTCAACTGGA ATGTCAGCAT 180  
 AAAGTTGCA TCATATGTTA AACAAAAACG ATTGTATCTG TACTTCACCT ATAACAGCAC 240  
 TATCCAATTC GTGCTTATCA AATAAACTAA GATTTTGTGC AGTACCTTTT CACAACTAGT 300  
 ACATACGTCT TGAGTTCTGA AGCATCATTT CATAAGGAGA ATACTGGCCA CGTGTGGACT 360

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 848:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 848:

TACCACTTGA ATACATTGCA TATAAAATAC GACGTTGTAC TGGTTTTTAAA CCATCACGAA 60  
 CATCTGGCAA TGCACGCTCT TGAATAATAT ATTTACTATA TCTTCCAAAG CGATCACCTA 120  
 AAACATCTTC AAGTGATAAA TCTTGAATTA TTTCACTCAC TAGATTTTCCT CCTCATCAAA 180  
 TTGATCATTT TCAAGCACTT GTACTTCAGA ATTATCTAAA ATACTTTGGT CCTCTTGCAT 240  
 ACCAAACTCA ACATGCTTTT CAATCCATT CAGTCTAGGT TGTACTTTGT GCACCCATTG 300  
 AATGTTGTGA CACGTTTAGA TGGAACGCAC TTGCATCTTG CAACTTGTGA CACGnATTGA 360  
 AAGTTnCGTG TTTGCGGGGG TTnCAGCGTC GTTTGCCCAT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 849:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 849:

TTTATATGAT TTATTTGAGG AGTTAAGAGA TTTATTTAAA GAAGAAGATT TAGAACCATG 60  
 GACATCATGC GAATTTGATT TTACAAGAGA AGGTGAATTA AAAGTTTCAT TTGATTATAT 120  
 TGATTGGATA AATTCAGAAT TTGGTCAAAT AGGTCGACAA AATTACTATA AGTATAGAAA 180  
 ATTTGGAATT TTACCAGAAA CGGAATATGA AATTAATAAA GTTAAAGAAA TCGAGCAATA 240  
 TATTAAAGAG CTAGAAGAAT AACTATCTT AATGTAAGAC TAAACAATAA AGCTTTGTTT 300  
 AGTCTTTTTA GCGTTTAAGT AAAAAGCaAT AGATACCGTA AAGTTGATGC TCATCAAATA 360  
 ATAATATAaa GATAATTTTA GGTTTTTTAAA CTTTTAATCG 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 850:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 923 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 850:

5 CAGGCCATAC TTACAATTTT GGCCATCGTC CGGATGTATT nGGAATCGTT GGATAATAAG 60  
 CATCAAGGTC GTGACTATTT CGTAAAATTC CAACTGTCCC AGAATTTACA TCATTATGTC 120  
 CAATTACTGG GCAACCAGAT TTTGCCAACT ATCTATATtT CaTATATTCC aAATGTTAAA 180  
 10 ATGGTTGAAT CAAAATCTTT GAAATTATAC TTATTTAGTT TCAGAAATCa CGGTGATTTT 240  
 CACGAAGATT GTATGAATAT TATTATGAAT GATTTGATAG AGCTTATGGA CCCACATTAT 300  
 ATTGAAGTCT GGGGCAAGTT CACACACGTG GTGGAATTC TATTGATCCT TATACAACT 360  
 15 ATGGACGTCC AAATTCTAAA TATGAAAAA TGGCTGAGCA TCGTTTGATG AATCATGATT 420  
 TATATCCCGA AAAAATAGAT AATCGTTAAA TGTATCATTT AATAAACACA CCAATAAGTT 480  
 20 GATTTTCCTA ACTTATTGGT GTGTTTTTCA TTTAGCATAC ATAATAGGTT ACATTAAAAT 540  
 AACATTTTAT ACCAAAGTAC ACCAAAAGAA TATTAGTACA CGAATTAAAC AACATTTTTTA 600  
 TAGAAACCTA TTGCACTTTA ACGTCAATAA GTATATTTTT ATATTATCTC TAATTAATTG 660  
 25 TGC GCGCTTA ATAACAGAAT ATTCTCAATA TTTTATTTTT TTTGTGATTT GTTGGAATAT 720  
 TTAGTTGATA AGGCACAATC AAATTTACTT AAATATTGT ATTAGGGGAA GAAAGGATGG 780  
 GATGTATACA TGACACAACA AAATCCCAT GGAAATCAAA TTCAAGACAT ACCTCAAACA 840  
 30 GGATTTTTTCG GGcATCCTCG AGGACTAGGC GTACTCTTCT TTGtAGAGTT CTGGGrAAGG 900  
 KTTAGTTATT ATGGGCATGC GTG 923

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 851:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1004 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 851:

45 TTAnTTGCAT CTATTTcAGT TGGTGTAAG AAAGCGGAAT TTGATTTTAT TGAAAAGTTA 60  
 GctCAAGAAA AATTAATCCC CgAATATATT ACAATAGATA TTGCGCATGG TcACTcAGAT 120  
 TCaGTGATAA ACATGATTAA ACATATAAAA ACCCATATAC CTGATAGTTT TGTTATTGCT 180  
 50 GGTAATGTTG GTACGCCAGA AGGTGTTAGA GAATTAGAAA ATGCTGGTGC TGATGCTACC 240  
 AAAGTCGGTA TAGGTCCTGG TAGAGTTTGT ATTACAAAGA TTAACAGG TTTTGGTACT 300

GCCGATGGTG GTATAAGAAC GCATGGCGAC ATTGCTAAAT CAATTAGATT TGGTGCATCA 420  
 ATGGTCATGA TTGGTTCATT WTTTGC GGCA CACGAAGAAT CACCTGGTGA AACTGTAGAA 480  
 5 CTTGATGGTA AACAGTATAA AGAATATTTT GGTAGTGCAT CTGAATTTCA AAAAGGCGAA 540  
 CATAAAAATG TAGAAGGTAA AAAAATGTTT GTAGAACATA AGGGTTCATT AATGGATACC 600  
 TTAAGAGAAA TGCAACAAGA TTTACAAAGC TCAATTTTCAT ATGCCGGTGG AAAAGACTTG 660  
 10 AAATCATTAC GTACTGTAGA TTATGTTATT GTTAGAAACT CTATTTTCAA CGGTGATAGA 720  
 GATTAATATT TATAGTAGGT GAKGTAAATT AAAAAATTCA TAGTAACTGT TGTTCGCTTT 780  
 TTATCAATTA TTATCATTGC GCCAnTAACA GAATTTAAAC CATTCAATCA TTTACAAAAT 840  
 15 GAAGTAAGAC AATATATTGA CATTACATC AATAAGAGAAA CAATTTCTGC GGAAAATAAA 900  
 TTGGATACAC CGAAGAAACA ACAATTTGCC TTTAATAATA TACAAATGAA CATGTCGAAA 960  
 20 TCAGATGTTG AGAAAACATT AAATAAACCA AAAAGAGTGA CATn 1004

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 852:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 25 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 852:

30 GTTCGCTCCA ATGTACGCAG TTGTATATGC ATAGACACCA AAATCGAACC ATTCCATTGC 60  
 35 ATTACCGATA CCGGTTGCAA CAACGGTTTT TTTAGCTTTC TTTGCATCCA CCATGTTAAT 120  
 ATTCTCTTTA TTAAAATCCA TGAATTCATA CACTCCCTCT TGTATGTTTC ATAATTATAC 180  
 GGAGTTAATT AGTTTTGTCA AATTTATAAG AATTTAACT TTTATATAAA TACCAAAGTA 240  
 40 TGTTTGTTCA AAAATTTTCGC TTTATCGnAT TAAATTCATG GTTTTATACC TCATACATTG 300  
 ATTAGACATA ATAATCTAAA CACGACGTTA CTTTGGATAT ACTnAATGGT nnCACACTCA 360  
 GTAGGAAGCA CGCATTTCGCT CGATAATGTA ACCATACTCA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 853:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 361 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

GGTGAAATTG TAACTATATA ATCGATATTA CCTTCAGTGT TCAAACTGG AAAATAATAA 60  
 TTACCATCAC TCTTTTTGTT GAATTTATAA ATTTTAAAG GTTCACCAAG TGTATACGAG 120  
 5 GCTTTCTCTT TATTATAGAT TTTATCAAGT GAAGTAACAT AAGAAAGATA GTCTTTTTGC 180  
 GCTAAATTAC GTACGTCAGT AGGAACACTC TTGTCCTCGA CATTAACTTG CACATGCTTC 240  
 TTATCTTTTG CTTTGATATT TGAATTGCTC TCAGCGTTTG CAATAGGGGT AACACTTAAA 300  
 10 GAAaATATTA AACTTAAAGC TATTAATTTT GGAAAGTTTC TTTTCATATA AAAACTCCTT 360  
 T 361

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 854:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 854:

25 ACnTTATACT AGAnAAAGnT ATTAAAGTAT ATCTGCTTTA CACCATTAAA AAGCGGCAAA 60  
 TGCTATAGAT AATCTAAAGC ATCTGCCGTA TGAGnATTTA TTTATTTTTG ATTGTCATAA 120  
 TCGTGTGGTT TTAAATTAAT TGTTTCTAGC TTTACAAATT TTGTTTTGTG AATGATTTTA 180  
 30 TGAATAAAGT AAATCAACGC TAGAATGATT AAAGGTAAAA AGTTTTTAAA AGCATTTAAC 240  
 CATTGATCTT TTAAATATA TTCAACTGAG CCACCAAATA GCAAGAATAA TAGTG TAGTG 300  
 ATGACAATGA TTGGTCCTAA TGGATAAAAA GGTGCTTTAT ATGGTAGGAC CTTATTAGGG 360  
 35 TCTTGACCTT GTTTTTTAAT AGCTTGTCGC AATCGTATTT GTGACCAAAT GCTTGATCCC 420  
 CAAACAACTA TAATCATTGA ACCAATAATT TCAAGTAAAT TAAAAACGGC ATTTGAATTA 480  
 40 AAGTTTGCAT AAATAATAAC AATAACAACG ACTGCATAAG TAGTTAATAA TGCTCTTAAA 540  
 GGTAACCTAG TTGTCTTGTT TAATTTACTT AAAAATTGGG GTGCTTTTTT GTCTGAACCT 600  
 AAGGA 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 855:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 515 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 50 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TTGAACAAGC ATTTTAAAT AGTCAACAAC ATC<sub>m</sub>GCAAT TAGTGAAGAG GCACAAC<sub>TTT</sub> 60  
 TAAATAATCC AGATGAATTA ATGGCATTTT TAAAGAATAA GCGTAAAAAT ATTTTAGAAA 120  
 5 ATGCATACAT TATGCCGCAT AATATGAGAG AAATGTTACG AAGTTATTTG GAAAGTATGT 180  
 CTCAAGACTT TAATGTTGGC GGATTTT<sub>TTA</sub> ATAAAAAGAA GAAAAA<sub>CTA</sub> CAAATTCAAC 240  
 AACAGCGATT ATTAACAGCG ACAGATGCGT TACAAGAACA TGTTAATCAA CAAATTCGTC 300  
 10 AACCAATGCG AGAAGATATG TCATTGTGTA CGCGTTT<sub>TAT</sub> CAATAAAAAA G<sub>m</sub>AGCTTCAG 360  
 aT<sub>m</sub>AGTATT AAATCAGCAT TATGACGTTA AGCCAGAAAT GATTGAAGGT TTATATCAAC 420  
 CACAAACATC AATCAGCAAT ACTTATGTAC TTACATTTTC AGACGAAGTG GTTAAAGCCA 480  
 15 TTAAGAAATA TGTTGAACAA CAATCAACAC CAATT 515

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 856:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1607 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 856:

GTCATTTT<sub>TA</sub> AAATTT<sub>CGCA</sub> TTCGCGTT<sub>TA</sub> ATTTT<sub>TTCTC</sub> TTTT<sub>TTCTTT</sub> TTCTTCTAGT 60  
 30 GACATACTTT CTTTAGGTGT TTCAACCAAT TCAGATGTAT CTACATCATC AATTTTAGTG 120  
 ATTTGTCTA CATCTTTCTT TAAATCTTCT GGGACGTTCT CGAAACGCTT ATATTGCTCT 180  
 35 TTAGAGATAC TAGCAGCTAT TTCATTAGCT CCTAAAATTT CATCTATCAA GCCGAAAGAC 240  
 AAGGCTTCTT CTGCAGTAAG CCAAGTTTCT GCATCTAACA TCTGTTT<sub>TAA</sub> GTGTTCTTGA 300  
 TCTAAATCTT TTGCTTTATC TAAATAAGCT GAATTACTAA CAGCATCTGT TTTTCAAGT 360  
 40 AAATCCGCTG TCTTTCTTAA TTCTTCTGCA TTACCTACAG TCATAACCCA TGAATTATGA 420  
 ATCATTA<sub>AAA</sub> AACTATTTT GTGCATA<sub>AAA</sub> ATAGTGT<sub>CAC</sub> CACTCATAGC GATAACACTA 480  
 GCAATTGATG CCGCTAAGGC ATCGACATAG ATATTAATTT TTGCAGGATG CATT<sub>TTTAGC</sub> 540  
 45 ATATTGTATA TTGCATGTCC TTCAAATACA CTGCCTCCAG ATGAATTTAT ATGAACATCT 600  
 ATTTCACTGA TGTCTCCTAG TTCATCTAGT TTATTTTGA AATCTGTAGC AGTTACATCA 660  
 CTTTCAAACC ATTTATCACT TACAATATCA CCATAAAT<sub>Ga</sub> ATATTT<sub>CACC</sub> TTTACTTTT 720  
 50 GATTTTCTTT TCATTGAAA ATACTTAGCT TTCATTGACA TTTTATCAC CACCTTT<sub>CaA</sub> 780  
 AGATTTTCTT AATTCAAGTG GCGTGTCAAT TGGGTATAAA TCACCGCTTA ATTAGCGGCT 840

AACCCTACG AACTGCTTTA AAGTACACTT CTGCTTGTGT TGCCTATCA GCCCTTAAAT 960  
 AAGATTTAAC GTTAAATTTA AAATACCTAT TTTTCTCT GTCTGTTTTA GTAAGTAGTT 1020  
 5 TCCGATTAAh TTCTTCTTCA TACTGTTTGA CGATTGGCAA TAAGGTATGC TGCAAGTAAA 1080  
 ATCTGTTTAA CTCTTCATTT TTCGCGAAAT TTGTATTGA TCTTGCATTT AAGAATATTG 1140  
 AGGGCAATTG AAAAACGTTA GCTACTCTTT CTCTTGTTAA ATTCTCGCTT GCCACTATAT 1200  
 10 CTTCAGAGAC ATATTTTTTA GGTAAAGGTT CGATTTC AAC ACCAGGCTCT TGGAATAATA 1260  
 TTCCACCGTT TTCTTCATAG TACTGTTTGA AATCTTCTAA CACTTGTTGC CTTTTTCTG 1320  
 15 TACTTACATT GGAACCATAT TTAAGCATAA AAGAATCTGG TTTTGCATT TCTGTAAGAT 1380  
 TAAAGGTTCT TACTGCATTG TCAAAATCAG TTGTATTCTT CAACACATCA ATCGGACTAA 1440  
 TACCTTGAAC CATATTAGAT GCCACGATGT GTTTAAATG CAACATGTCC aTATTATGAA 1500  
 20 CAATCAATTT ATTTCCAGTT GCAGCATGAA TGGAATAATA AAGTTCACcG TGATTGGTTT 1560  
 TCAATTAACA TTCAACAAC ATCTGGATTT AATAAGAAAA GCTTTGA 1607

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 857:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 346 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 857:

35 ATGCGCATTT AACCGCATTT AGAGATGCTG AAGATCAGTA TAAAGCTTTG TTAGAAATTA 60  
 CAACATTACC AGAAGGTAGA ATTTATGTTG CTCGCCAAGA TCAACTCATT GTGGGTTATG 120  
 TCACTTTCCA CTATCCTGAT GAAATTGAGC GCTGGTCTAC AGGTAAGCTT CCATATTTAA 180  
 40 TCGAATTGGG GGCAATTGAA GTCAGCATCA ATTTTAGGCA ATTACAACTT GCAGAAAAGC 240  
 TGATACAACT TAGCCTTCTA CACCAGAATT CGAGAATTAT ATCGGnATAA CTACAGGATA 300  
 TTACCGGCAT TGGGGGTTTA AAAAATTCCC AGTnAGAGGT ATTnCC 346

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 858:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

ATTACTATAA TGAATCTTGC GAGATATTTA GAAGTAATGA TACAAnATAA TGGACTTTAG 60  
 AATTTmAATT TACAATAAAT AGTTCTATGA TTAAATGTCA GTTTTATGAC ATTTATTTAT 120  
 5 TGA AAAATACG AACGAATGaG CGATaTGATA ATATAGATAA GAATGATTTT AATTTAGGAG 180  
 GCCTTTATGG TGCATAATAA AAACAATACA ATTTTAAAAA TGATCAAAGG TGAAGAAACA 240  
 10 TCACATACAC CTGTTTGGTT TATGCGACAA GCTGGCCGTT CGCAACCAGA ATATCGAAAA 300  
 TTGAAAGAAA AATATTCACT ATTCGATATT ACACATCAGC CGGAGTTGTG CGCTTATGTA 360  
 ACACATTTAC CAGTTGATAA TTATCATACA GATGCAGCAA TTTTATACAA AGATATTATG 420  
 15 ACACCATTAA AGCCAATTGG TGTGATGTA GAAATTAAAT CGGGTATTGG TCCAGTGATT 480  
 CATAATCCAA TCAAAACAAT TCAAGATGTT GAGAACTTT CTCAAATAGA CCCC GAACGA 540  
 GATGTACCAT ATGTATTAGA TACAATTAAA CTTTTAACAG AAGAAAAGTT AAATGTGCCG 600  
 20 CTAATAGGAT TTA CTGGGGC ACCATTTACA TTAGCGTCAT ATATGATTGA aGGCGGACCA 660  
 TCGAAAAATT ACAATTTTAC AAAAGCGATG ATGTATAGAG ATGAAGCAAC ATGGTTTGCT 720  
 TTAATGAATC ATTTAGTTGA TGTATCTGTT AAATATGTAA CAGCTCAAGT CGAAGCAGGT 780  
 25 GCCGAATTGA TTCAAATTTT CGATT CATGG GTAGGTGCAT TAAATGTCTGA GGATTACAGA 840  
 CGTTACATTA AACCACATAT GATTCGATTA ATCAGTGAGG TTAAGAAAA ACATGATGTG 900  
 CCGTAATTT TATTCGGTGT AGGTGCCAGT CATTTAATCA ATGAATGGAA TGATTTACCG 960  
 30 ATTGATGTAT TAGGCCTAGA TTGGAGAACG TCTATTAATC AGGCTCAACA ATTAGGCGTT 1020  
 ACTAAAACAT TACAAGGGAA TTTAGATCCA TCAATTTTAT TAGCACCATG GAATGTCAIT 1080  
 35 GAAGAGAGAT TGAAACCAAT ATTAGATcAA GGTATGGAGA ACGGTAAACA CATCTTTAAT 1140  
 TTAGGACACG GTGTATTCCC AGAAGTGCAC CAGAGA 1176

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 859:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 621 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 859:

50 AATTTGGTGCA TTGGTAnAAT TGACCTGAAA GnAAAAAGTG GTTTAGTTGC ACATTGAGTG 60  
 nAAGTGC GCA GATGAATTAT GTTGAAAACG TGAGGAAGAG CACCTTTGCT GTTGGTGATG 120  
 AAGTAGACGT AAAAGTATTA TCTATTGCTG ATGATGGAAA AATTAGTCTT TcAATTAAGA 180

55

AAAAAAGCCGA AGATTTTGAA AAGAAATTAA GCAATTTCTT AAAAGATAGT GAAGATAAAT 300  
 TAACTTCAAT CAAACGTCAA ACAGAATCTA GACGCGGTGG CAAAGGTTCA AGACGTTAAT 360  
 5 TAAAATAAAT AAAGACTGTT TCGATAAGGA ATATATTTAG AATGATGCGT ATCGAATAAT 420  
 CGATTGCAGC GTTAGACAAT CTAAGACTGT TTCTTAAATA AGGAGCAGTC TCTTTTATTT 480  
 10 GTAATGATAT AACTAAGACT TATACCATT TTTGAAAATTG TAAAAGTGAG GTGATGTTAT 540  
 GCAGTTAAAT AGTAATGGTT GGCATGTTGA TGACCATATT GTTGTGCGTG TTTCTACAGG 600  
 TATTGATAGT ATGTGTTTnn T 621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 860:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 544 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 860:

25 TATATTAGGT ACTTGTGTTG GTATTGTGCC AGCTTTGCTG TCTACTATAA TTTCTAAAAG 60  
 GTTTGAACAT ATAAAAGGGA AAGTGCTAGG TGTATTTAAT TTTGTGAGAT ATATTGGAAT 120  
 30 GACTGTCGGT GCATTATTAA TTGGTATCAT TTCTCAGCCG TTGGTAGCCT TTTACTTCAC 180  
 AACTATAACT ATCATGTTAA TAGTAATATT TCTTTATATA AAGATAGTTG ACTTTCAGCT 240  
 AAAGTATGCC AAATAAACTT AAAAAAGCAG TGAATCATTT CAATAGATGG AATGATTCAC 300  
 35 TGCTTTTTGT TTATAGAAAT TTTAAATTCA TGCCTTTATG CTAACAACAA TATTATTTTA 360  
 CTCTCTTACG TTTGCCAATG TAACcGTATA GCAAAGTAAA TGACTGCGAT AATGATGACA 420  
 ACATACATAt ACGTGAATAG GAAGGAAGAC CAGTCATCAA CATACCAAAG CTATCGCTCA 480  
 40 AAGTGCGnCT GGTAAATTAA ACCGAATTCC AnGATTGTAG GAACCCnATT AATGGAAATA 540  
 ACGG 544

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 861:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 651 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 861:

AATTTAAAAT ACATTTATGC TTTACCCATT CGAAAATACC TTAATCATTT TCATTTATAG 120  
 CATTGTTTGA TTGAAGGATA AAAAGTTGTT GTTTACAATA AAAATAATGA GTATCTGAAA 180  
 5 TGAGGGATTC AnTATGACAC ATGTGGAAGT AGTAGCGACT ATCGCGCCAC AATTATCTAT 240  
 CGAAGAAACT TTAATTCaNa AnATTAATCA TCGTATTGAT GCAATAGACG TATTAGAATT 300  
 10 ACGAATTGAT CAAATTGAAA ATGTCACAGT TGaTCAAGTG GCAGAAmTGA TTACAAAGCT 360  
 GaAGGTTATG CAAGATTCAT TCAAATTATT AGTTACGTAT CGTACAAAGT TACAAGGTGG 420  
 CTATGGGCAA TTTACAAATG ACTCGTATCT TAATTTAATA TCAGACTTAG CAAATATCAA 480  
 15 TGGCATAGAT ATGATTGATA TAGAATGGCA AGCAGATATT GACATTGAAA AACATCAACG 540  
 AATCATTACA CATTGTGCAAC AGTATAATAA AGAGGTGGTT ATATCACATC ATAATtTCGA 600  
 AAGTACGCCT CCATTAGATG AATTGCaATT TATATTTTTTh nAAATGCAAA A 651

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 862:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 401 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - 25 (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 862:

30 TGTGAGTGGT AATGACACAC AAGCAGATTT AATAGGTTAT AGTTTTAAGT TTGACGGTGC 60  
 GATTTCAAGG CAAGAGGCTT CTAAAGATGT ACATGCAGTT ATATTATCGA ATAAACACT 120  
 35 ATATTTATTA GATGTATTAC AAAAATTACC GATAGATAAA ATGAATTCAT TGAATATCCA 180  
 TCAAGAAATT ATTGATGAAA TGTCAGATAT CATTTTAATG TTATATCGTG AATATGCAGG 240  
 TATGTTTTTTT AAAAGTCAGA AACTAATCAA CCAATTAAAA AGATTGGAmC AATAACaTAA 300  
 40 AATAATAAAa GGTATTCAAG TAGCCACATA GATGTGTTTA TTTGAATACC TTTTkGAATA 360  
 GaaAAGaGAT ACTGGcAATT TACTAACCA GtATCTCTTT T 401

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 863:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 308 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - 50 (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 863:

ACAAAGTAAT CAATATGTAA TATAAAATAC ACTGGTACTC AATATATAAT GATGATAAAA 120  
 TTAATTTTAA TTAGATAGAG TTGCTTTGTG TTTTAAACGC nGATGCTACT ACTTATCTTA 180  
 5 ACAGTTGATT AAGTAAATCA TTTAACAGCG AGATTATnCA ACCAGGGGGA TGACTIONAATG 240  
 AATTTATTCA GACACCAAAA TTTAGTATCA GAAATTTAAT GTCGGTATTT TTTCAGCTTT 300  
 AATGCCAC 308

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 864:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1827 base pairs

15 (B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 864:

TTCTACATCT TAAACGATGA CCTAACTATG ACGTTAATCT GGAAAGATGG GGAGTTGCTA 60  
 GTATGATGTT GAAATTTAAA GCTTGGGATA AAGATAAAAA AGTTATGAGT ATTATTGACG 120  
 25 AAATCGATTT TAATAGTGGG TACATTTTGA TTTCAACAGG TTATAAAAGT TTCAATGAAG 180  
 TAAAACTATT ACAATACACA GGATTTAAAG ATGTGCACGG TGTGGAGATT TATGAAGGGG 240  
 ATATTGTTCA AGATTGTTAT TCGAGAGAAG TAAGTTTTAT CGAGTTTAAA GAAGGAGCCT 300  
 30 TTTATATAAC TTTTAGCAAT GTAAGTGAAT TACTAAGTGA AAATGACGAT ATTATTGAAA 360  
 TTGTTGGAAA TATTTTTGAA AATGAGATGC TATTGGAGGT TATGAGATGA CGTTCACCTT 420  
 35 ATCAGATGAA CAATATAAAA ATCTTTGTAC TAACTCTAAC AAGTTATTAG ATAAACTTCA 480  
 CAAAGCATTAA AAAGATCGTG AAGAGTACAA GAAGCAACGA GATGAGCTTA TTGGGGATAT 540  
 AGCGAAGTTA CGAGATTGTA ACAAAGAACT GGAGAAGAAA GCAAGCGCAT GGGATAGGTA 600  
 40 TTGCAAGAGC GTTGAAAAAG ATTTAATAAA CGAATTCGGT AACGATGATG AAAGAGTTAA 660  
 ATTCGGAATG GAATTAAACA ATAAAATTTT TATGGAGGAT GACACAAATG AATAATCGCG 720  
 AAAAAATCGA ACAGTCCGTT ATTAGTGCTA GTGCGTATAA CGGTAATGAC ACAGAGGGGT 780  
 45 TGCTAAAAGA GATTGAGGAC GTGTATAAGA AAGCGCAAgC GTTTGATGAA ATACTTGAGG 840  
 GAATGACAAA TGCTATTCAA CATTCACTTA AAGAAGGTAT TGAACCTGAT GAAGCAGTAG 900  
 GGATTATGGC AGGTCAAGTT GTCTATAAAT ATGAGGAGGA ATAGGAAAAT GACTAACACA 960  
 50 TTACAAGTAA AACTATTATC aAAAAATGCT AGAATGCCCG AACGAAATCA TAAGACGGAT 1020  
 GCAGGTTATG ACATATTCTC AGCTGAAACT GTCGTACTIONG AACCACAAGA AAAAGCAGTG 1080

AGTGGTGTAA GTAGTAAAC GTATTTAGTG ATTGAAACAG GCAAGATAGA CGCGGGATAT 1200  
 CATGGCAATT TAGGGATTAA TATCAAGAAT GATGAAGAAC GTGATGGAAT ACCCTTTTTA 1260  
 TATGATGATA TAGACGCTGA ATTAGAAGAT GGATTAATAA GCATTTTGA TATAAAAGGT 1320  
 AACTATGTAC AAGATGGAAG AGGCATAAGA AGAGTTTACC AAATCAACAA AGGCGATAAA 1380  
 CTAGCTCAAT TGGTTATCGT GCCTATATGG ACACCGGAAC TAAAGCAAGT GGAGGAATTC 1440  
 GAAAGTGTTC CAGAACGTGG AGCAAAAGGC TTCGGAAGTA GCGGAGTGTA AAGACATCTT 1500  
 AGATCGAGTT AAGGAGGTTT TGGGGAAGTG ACGCAATACT TAGTCACAAC ATTCAAAGAT 1560  
 TCAACAGGAC GACCACATGA ACATATTACT GTGGCTAGAG ATAATCAGAC GTTTACAGTT 1620  
 ATTGAGGCAG AGAGTAAAGA AGAAGCTGAG CGCAAATACG AGGCACAAGT TAAGATAAGG 1680  
 AGAGATGGAG ATGCCAAAGA AAACGGTAAC GATTGATGTA GATGAAACT TATTAGTAGT 1740  
 AGCTAGTAAT GAAATATCAG AACTATTATA TGAaTATGAC AGTGAGTtAA TGTCAGCTGG 1800  
 ATGGAAGATG GCGATAATAG GGATATC 1827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 865:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1379 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 865:

TCAATTGCAT CATCATATGA AATTCTaGGG AATGGTGTG CAACTTTTTC AAGTTTTGAT 60  
 GTATCACGCT CTAAAATTTT CAACTCTAGT TTACAATTTT CTAAAACTGA TTTTACAACA 120  
 TGTGTTACAT ATTGTTCTTG AATTTCTAAA CTTTCAGCAT GATTTGTGAA AGCCATTTCT 180  
 CCTTCAATCA TCCAGAACTC GATCAAGTGT CTACGTGTTT YTGATTTTTC AGCTCTGAAA 240  
 GTTGGACCAA ATGAAAATAC TTTTCCGTGT GCCATTGCTG CAGCTTCTAA GTATAACTGA 300  
 CCACTTTGAG ATAAAAACGC ATCTTGATCA AAGTATTTAG TATGGAATAA TTCACTTGTA 360  
 CCTTCTGGCG CACTTGCTGT CAAAATTGGT GGATCAACCT TTGTAAATCC ATCTTTGTTG 420  
 AAAAATTCAT ACGTTGCAG AATAACTTCA TTTCTAATTT TCATTACAGC ATGTTGTTTT 480  
 TTAGAACGTA ACCATAAATG ACGGTGATCC ATTAAGAATT CTGTACCATG ATTTTtagGT 540  
 GTAATCGGAT AGTCATGCGC TTCTGAAATA ACTTCAATTG ATTTCACTTG CATTTCGTAT 600  
 CCTAAGTCAG AACGATTATC TTCTGTAATT GTGCCTGTAA CGTATAGAGA TGATTCTTGA 660

TGCATAAAGC CTGTTCCATC ACGTAATTGT AAAAAGGCGA TTTTACCACT TGAACGTTTA 780  
 TTTGTTAACC AAGCACCAAT TGTAACGTCT TGGTTTAAAT GATCTTTCGC TTGTTTAATC 840  
 5 GTTGTTTTCA TAACCATTCT CCTATTTATT TTTTCGKTAT ACAATACTCA TTCATTTTAA 900  
 CAAAATCCGC TTTCAAGTTC TAGAACTAGA CTAAAAGATA ACGtGTAAAT GGTAATGATT 960  
 TACGCACAGA TTTGAACATT AATTTATATT AAGACAATAC AATCATCAGT TTCAGACAAA 1020  
 10 ATATATAATA AAGCCTCAAT ATTATTAGTA TGAAGGTCGT TTTTGTnCT AACATTCAAG 1080  
 TTTAATTATA AAACCTCAAAT TTTGACGACC AAACAAAAT TCTTGTAACA GAACATAGCA 1140  
 15 CATGTCATGT CACAAGAATT TTAATTTGTA TTTCACTTTT TCTTTTTTTG AATTTGTCTT 1200  
 AATAATTTTC CAAACTGTTG AATGTCGCCT TTTTCTGAC GATAATTTTC AAGTGTGTGT 1260  
 TCAAAAAAGT TTTTATAATT ACTGTTTATG AGTCGATCAT CAAATGAAAC TATTATGCCG 1320  
 20 CGATCATTTT CATTTCTAAT TAATCTTCCA AGTCCTTnGT CTAnAACGTG TAACTGCAT 1379

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 866:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 450 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 866:

TTACAACGAA TAGTTCACCG TTCGAGTCTA ATCTATGTAA TGCTTGCTCG AATATACGAT 60  
 35 GCACGGTTTC TTTCCCTGCT CTTATTGGTG GATTGGTTAA AATAAAATCA AAACTTTTGT 120  
 CTTCCACAGC AGACAAAGCA TCACTTTCCT TTACGATCAC ATTATCAATA CCATTTAATT 180  
 TTTTGTTTTT TTCAACTAAG GCTAGCGCTC TGTGATTAAC ATCTAGCATT GTAATTGAAT 240  
 40 GATGTGGTGA TACTTTAGCA ATCATCAAAC CAATTGGTCC GTAACCACAA CCAACATCGG 300  
 CAATTGCTT ACTTGGACCA GGTGGATGCG CTTTTAAAAA AGTTTGAACA AGAACATCTG 360  
 aACCATAATC TACTTTatCt TTCGAAAACA CTCctTATCA GTTATTAAAT CAATTTTATG 420  
 45 AnGGTTnTAA TTGGATATTG AGTACGTTGT 450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 867:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 867:

5 AATGTTAACA ATATAGCACC AATTAACCCC GACATGATAA TAACGTGTAA TGTTTTATTT 60  
 CCTATTAATT GTCTCGCAAT ATGAGGTGCA ATTAATCCTA AAAAGCTAAT ACCACCGACA 120  
 ACTGAAATTG CGGATCCTGC TAATATTACT GCTAAAATTA ACAATAGCAT TTTAATAGTT 180  
 10 TTAACTTTTA AACCGAGTGC GGTGCAACA GCATCACCTA GATTCAATAC ATCTAATTGA 240  
 TAACTCCATA AAATGATGAT GGATCGTTAT TAAAACCAGG GAATATAGAT AATATCCGCA 300  
 TATCAGGCCA TATAGCTACC TGTACCAAC AGGTTTnTGC TCCAnGGTTC TnTAATAAGA 360  
 15 CGCACACGCG ACAATGCGCT TGCTACCATT AGGCAGCTTG 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 868:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1132 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 868:

AATCCnTnAA GTGCCATAAC ATCATCTCCT AACATCTTTA TTATACATCA ACATTTTATA 60  
 30 AAAATAACnT CTTATGATAA AAATGAAAAT ACTAATTTTA ATGAGAGCGT CTTAAGCCGC 120  
 AATTGATAAA ACATATGCTA CAATATTTTT AAACACTATA CAGGAGGTAC TCTATGACAA 180  
 AATATACATT TAAACCTAAA GATTTCAAAG CGTTCAACGT AGAAGGCTTA GACGCACGAA 240  
 35 TGGAAGCTTT AAACGAATAC ATACGaCCAC AACTCCGTGA ATTAGGAGAA TATTTTAGTG 300  
 ACTTCTTTAC AAGTCAAAC TGTGAAACAT TTTATCCTCA CGTAGCAAAG CATGCTAGAA 360  
 GAAGTGTGAA TCCTCCTAAA GATACATGGG TTGCTTTTGC AACAAACAAA AGAGGCTATA 420  
 40 AAATGTTACC TCATTTCCAA ATTGGTATGT TTGAAGATCA ACTGTTTGTT ATGTTTGGA 480  
 TCATGCATGA AGCAAAAGAT AAAGCAACaC GTGCAAAAGT TTTGAAAGA AAATTTAAAG 540  
 45 CTATTCAACA ATTACCTGAT GATTATCGTG TTTGCTTAGA TCATATGAAA CCTGATAAAC 600  
 CATTTATTAA AGATTTAACG GATGATGATT TAATAGAAGC GATACAAAGA GCCATCAATG 660  
 TGAAAAAAGG TGAATTCITT ATAGCGCGTG CAATCACACC ACAAGATAAA AGATTAAAAA 720  
 50 GTGACAAAGC ATTTATTGCA TTTTATAAG AAACCTTCGA TCAGTTCTTA CCATTTTATT 780  
 CTGCATAAAT AACTTTGTTT AAATAATAGA GCACTTAATC ACATCCaTGA TTTCGTGctC 840  
 55 TTtTTTCTTA ATATTAAATC GAACGTtCAA CATAaTAATT CATACTTTTA AAAAAATTAA 900

GGTGAGTCAA AATGAATAAT AAACGACATT CAACAAATGA ACAATTAAAGT TTAGACGAAA 1020  
TAAACAATAC AATTAAATTC GATCATCGCA GTTCAAATAA ACAGAAATTT TTATCATTTTC 1080  
5 TTGGACCTGG GTTATTAGTC GCTGTTGGTT ACATGGATCC CGGAAACTGG AT 1132

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 869:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 418 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 869:

CTCAATGTAT TGA CTGTGAT TTGGAGTGTA TAATGCTACT GTTTTGTCTA TAGCCATCGC 60  
20 ATCAAATATT ATATTTGAGT AATCAGTGAT AACGACATCA GACATTAGAA TTAAGTCTTG 120  
AGCACTAAGA TACTTTGGTG CAACAAGCGC CTCTTCTGGT AAGATCGCTT CATCAACACC 180  
CTGAACCACA ACATGATAGG CTTTGAATAA AGCATCTGAT AGTGGTAATT GTTGCGCACT 240  
25 CACTAATCCA ATAGGTGCGT ATAATAAAAC TGGTTTTTGA TCATTTATTT TAAACGATTT 300  
CTTATACTGT TGT TGAGTAG TACTTTCGTT ACTCTTTTGT AGTAAATATT GGTGTTTAGG 360  
ATTACCATAA GCCAATACAT TGCTTGGTGA CTAGGAAAAG nCGTTTGATA AAAGGGCT 418

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 870:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 587 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 870:

GAGTnTGTTA CAGTAATTGA TTTTATTGGT AATTnTAAGA CAAATTATTT AATTCCGATT 60  
GCGCTTTCTG GGGATCAATC GCAAnATAAA GATAATTATA AGAAGTTTTT AACGAATAAC 120  
45 GATTCGATTA ATGGAGTATC TACAATTAAT TTGAAGAAG TTGCTAAAAA ACAGATTTAC 180  
AATTCATTGG ATGCAGTATC ATTAAATCAA AATAAATTAA TATTAAAAGC TTATGAAGAA 240  
GTTGAAAATA GATTGGGACA CATGCCGTTA CTAATGGATT TCATACAACA ACATTCTATA 300  
50 GATCCAAGCG TTATATTTTC TAAATTTAGT AATTATTACG AGTTCTTAGT GAGATATAAA 360  
AAAATAGATA CATTATTGAC GGAAAATGAA TCTAAAAATC TGGTTTTCTT TTCAAGGCAA 420

TTAACATATG ATGAATTAAA AAATAAAATG TTGAACGAAG TTAAGGATAT AACAGAAGAT 540  
 GATATAGATA CTTCAATTAAG AATTTTAGAT TTTTCATTTT ACAACGC 587

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 871:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 971 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 871:

CTACTAAACC AGGTAATCGG TAGAATCCAA GCAGGAATAA ATAAATTAAT GCnACACCAA 60  
 TAAACGATGC AAACACAGTn TTATCTAATG CATCTTGACC AAATTGGGCA CCTACTGAGT 120  
 TTGAATAAAT TTCTTTCAAG TCAACTGGTA AAGAACCTGC ATTTAACAAT kCGGCGATTT 180  
 GTTTTGCTTT TTTAACGCCT TCTTGTCCTT TAAATCCACC CGAGATTTCT ACGCTATCAG 240  
 AATTGATTGG TTGATCAACA CTTGCTGCAG AAATAAATTT AGGGTTTTTC TTTTGTGCTT 300  
 CTTTTTTATA GCTGTCACCT TTTTTGAAAT CTAACCAAAC AACCATGACA TTATCACGTT 360  
 TCTTAGAGAT TTCTTCCGTT ACTTTTTTAA ATTTGTTTTT GTCTTTTACT TTAAAAGTAA 420  
 CTGTAGGcTG GTTTGTTCCT tGtTTAAATT CTTGtTTGGC AGATCCCTGT TTaATATCAG 480  
 AACCGCTTAA TTTtACTTTA TCTTCTGCAT CGCGAATTGT TAAATTAGCT TGAGAAGATA 540  
 AAATTTTACG TGCTTCATTC TGGTCTGTTA CACCAGCAAG TTGTACTCTA ATTCTATTAG 600  
 GTTCTTCAAC TTGAATTTTA GGTTCGAAA CACCTAAAAC GTTAACACGA TTTTCTAATG 660  
 TTTGCGCTGT TGATTGTAAG GCTTTTTTAT CTATTTTGTC GCCTTTATTT AAAGGATCGA 720  
 CTTGATAAAG CACCTCAAAT CCACCTTGCA AATCAAGTCC TAAATTGmCA TTCITTATAA 780  
 CACTTTTATA AGTTGcAGCC ATTCCGGCAA ACAACAATAC GACTAAAAGC AAGAACGCAA 840  
 TTATTCTACT ACTTTTCTTC ACATGAACAC CTCATTATTT ACGTATGTAT TTAGAATACT 900  
 TGAATACTAT TTTATAACGC AAGTGAAATC TTTCTTACAA AATTTATTAG CCTTATACAT 960  
 ATTAACATAC T 971

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 872:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 636 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 872:

5 CTGGTTAACA ACATCTGGTT CGGCATCTCC TTAGCTTCCA CTAAATCTTG GATGTCTTGG 60  
 nnATCTTGCG CAAGTnGTGC TTTGGCTTGT TCAATTtCTy CTTTAGTCAT CGCATIGTTA 120  
 ATGCCGTTAT GACCTTGTGT AAGTATTTGA TTAATACGAT CTTTAAGTGC TTGTTTTTCC 180  
 10 TTATCTGTTA GATTTGGATT TCGATCAATT TCGTCAATTA ATGCTTGaAC TTGcTTATCA 240  
 ACGTCTTTAT TGGCATCAAT TTTTGCTTTT GGTATTTCAT TGGCATGCAC TTGTTCAATC 300  
 GCGTGGTTGC CTGCTGTTTG AACTTGAGAT ACAGCCTGAT TACTTGTTGC TTTATTAATG 360  
 15 TTGTTGATGA TGCTGTTTGC CAATTCTTCT GCTTTATTTT TCGCAATAAG CTTGTCTTGA 420  
 TCCGTCGCAT TTGAAGCTTC GATTTCTTTT AGCTTATTAG CTAAAGCTTG ATTAATAGAT 480  
 TGAATTGCCT TGTCTTTAGC ATCTTGTAGT CGTTGATCAC CATTAAAGATT ATGGATTGCA 540  
 20 TCATTGACTg CTTGGATTGC GCCATTGATA TCATTCACAT tTGTGTaTCA CTATTTAGCA 600  
 ATGTATTTGC TAGACGTtgG CATCATCGAA GTTTGT 636

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 873:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 659 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 873:

35 CTCTGAATGC ATTCATTAAA CGCTGGGTCT CTTTATATGA AACGTATTTG TCATTTTTAG 60  
 AACTCAATCC GTAAAAATTG TCAACTTTCT TTTTAATATT ATCGTAATCA ATGGTTACAT 120  
 TACTTAAATC AATATCTAAA TCTATATTTT CTGCATCTTC TTTAAAGCCC GCTATACTGA 180  
 40 AAAAGCCTTC AATCGGCTGA TCAATCATTT CAATATATTT TAAAGCTGTG ATTGAACCTA 240  
 AACCATGTGT TACAAAATAT GTATCCTTTT TCGGTACATT AATTTGTTTC GTCATAGCTT 300  
 CAATCCACTG ATCCACTGTC TTCGCTtCAG GGGATTCAAA ATTAAATAAT GTTACGTCAT 360  
 45 ATCCTTCTAA AGTTAAGTTA TGCTCCAACC ACTGATACCA ATGATTTCTA CTATTTCCAT 420  
 GCATAGAATG TACAATAtTA CATCTGTCAT CTCATTCTCT CCTTTCAACT TACTACTTCT 480  
 TTTCTATTTT TAAAAAATG ACTGATTACC TATAATTGTA AAATAAAAAC ACCTTAATTA 540  
 50 GAAATGTTAT ATCGCAAAGT GACATTTCTA ATTAAAGTGT ATTGTCATCA TTTCAATATC 600  
 ATTCAAAAAC AGCTAAACCT TTGTCTCTGC TTCAATTTCa CAAAAATAAT TCCCGCTGA 659

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 315 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 874:

AAAATAAAAT CCATTTTAGT ATTCGTAGAA AATGAGAGCC CCCTTTACCA CAATATGTAA	60
ATGTATATTG TGAAAAGGGG GCTTTTATTT ATGACATAGT TGTTCAACTC ATACATTCAG	120
TTGATAATGC AGTGC GTTAT GCAGCTATCC ACTTCATATG TATGGCGCAT ACTTGATATA	180
TGAATATCAT CAAGATTTTA AAAGTATCGC TAATTTTAAA GTCTTAAAAC GCAGATTAAT	240
GGTCATGATG TGTTAATGCG TTTTGGTTTT TAGAGCCACG TAATTCCCA GGACATATAG	300
GAGGAACCAT TCCAC	315

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 875:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 482 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 875:

TACACGACCT TGTAAGCTCAG CTGCTTTATA AGCTAGGGCG ATGTTATCAA AGTTGGATGT	60
ACTTTGAGCT TGGCATTTCG TTAATACTTT TAACGAAGGA TTTAATATAT GTCTGATACG	120
TATATATTGA TTATATTCAA TTCTTaATTt GGATAAGATT GCTGATAATT TGAAGCAATC	180
GGAGCTAAAT GGATCGAAAA ATGAATAAAT TTCGATTTTA CTTACAGGTG ATAGaTTGAT	240
ATCTTCACGA CTCITTATTTT CCATTaWTCG TAATTCTCCA GCCATGTTTA TTCACCTACA	300
ATTAATTTTA GGAATTCACC ATATGaTTAG CAGTTAATCT TaAGCGCTCA AATAAATAAT	360
CTCCAACACC TTGTGGAAAC caGCGaTT AATTGCTGTC TGCATATTTT CTAGCCATGC	420
ATCTCTTTCA AATTCAGTGA TTGTAAAATC TATATGTCTT TTTCTTAGCA TAGGATGTCC	480
GT	482

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 876:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 670 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 876:

5 ATGCAATTGA ATTCTTAAAA GCAGAAGGCT TTGATGATAT TGAATGGGGC GAAGATTTTG 60  
 GTGCGCCACA TGAAACAGCC ATTGCTAATC ATTATGATTT ACCGGTGTTT ATTACTAATT 120  
 10 ATCCAACTAA AATTAAGCCT TTCTATATGC AACCAAATCC TGAAAATGAA GAAACTGTAT 180  
 TATGTGCAGA CTTAATTGCA CCTGAAGGAT ACGGTGAAAT TATTGGTGGA TCTGAACGTG 240  
 TGGATGACTT AGAATTGTGA GAACAACGCG TTAAAGAACA TGGATTAGAC GAAGAAGCAT 300  
 15 ATAGTTACTA CTTAGACTTA CGTCGTTATG GTAGTGTGCC AACTGTGGA TTTGGTTTATG 360  
 GTTTAGAGCG TACAGTAGCA TGGATTTCTG GTGTTGAACA CGTTCGTGAA ACAGCGCCAT 420  
 TCCCAAGATT ATTAAACCGT TTATATCCAT AAGTTTTAGG GTCGTTACTT AAAATATATA 480  
 20 TTATGATAAT AAAAAGAATC GTCCAGCCTA TATTAATAGC TGGGCGATT ATTCTTGGA 540  
 AATGAAGATT GATAACGGCT TATATTAATC ATGAACAAAC TTTTGTTTAG TAACTATATT 600  
 TGGAAAATAA ATAGTTCATC TGATTATCCA TAAAGTTCAT TGTAAAATC TAGTGTTAAA 660  
 25 AAATACTGTT 670

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 877:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1258 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 877:

TGCAAAGTAA ACTGGATGGC TnTCTTGCCG CCAAGGATCT GATGGCGCAG GGGATCAAGA 60  
 40 TCTGATCAAG AGACAGATCC TAACCTCTCA TTTCCGATAA GTTTAGTATG TATTATAGGT 120  
 GATGATnTC TTGTTTTCAA CCTTATACAC AATATTTTTG AnATTTATAT TATATTCATA 180  
 TAAGGAAGGC GATTAATTAC GATTCATCAT TATATCTCTA CGTGTTAATT TATTAACctA 240  
 45 TACTATATTT ATCaACaCAA CAGTTTTTCC TTTCATTTTC AAACATAACA GAAAAAGCCT 300  
 GAGACATACT TAGTCCCAGA CTGTTCTATA ATTAATTAAA GATATAACAA GGTTAATCAT 360  
 TCAAAGCTAA CATCACATTT ATTCACTGTA ATTTTTCATA AAGAATAATA ATGACTGTAA 420  
 50 TTCTATACCT AAGTCAATTT GATGTACTTG CACATCTGAA GCGGTATTAA TTCTACCAGG 480  
 AGTGAAGTTT AAAATACCTT TCACACCAGC TTGGACGAGT TCATCTGCAA CTTTCTGTGC 540

TAATTCATCG TTATCTTTAA CAATAACGTT CCCTATTTTC TGGCCAATAA CATCTTCTTT 660  
 TACGTCAAAC GCTTCTGTAA TCGTCATATC GTCATGTATT GAAAAGTTAT ATGTGAGCAA 720  
 5 AGCTTTCCCT AGGTTCCTAA CTCCGACAAT TGGGATTTTG ATCATGTCAC TCTCGCTTAG 780  
 TTCAGATTTA AAGAAATCCA ATAAACTATC TATATTATAT CCGTaCCCTT TTTtACCTAA 840  
 10 TTCGCCAAAA TATGAAAAGT CACGACGAAT TGTtGCCGAG TCAATTTGTa ACGCATCGCT 900  
 AATCGCTTTT GAATTTACAC GATCTATACC TTTAGATTTT AATGAACTGA CAAATCTATA 960  
 ATATAACGGC AAACGTTTTA AAGTTGCTCG AGGAATTTTA ACTTGGTCAC TCATTGCTA 1020  
 15 TTTCTCCTT CGTGTTTGAA TGAATTATAT CTATGTATTC AAACGAGTTA GAGCGTAATT 1080  
 GTTAGATTAT TAAAArACAA ATAATTGaTT ACAATGAATA CCTAAATATT ATACATTAWT 1140  
 GAATTTTAAA AATAAATATC TTAGTTTCAA GACGGCGTTT TATACTGTAA AATGGTTATT 1200  
 20 AATGTAATAA TTACGCTTGT TTCATAAGTT AATAAAATTT GAGAAGACGA AGGTGAAG 1258

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 878:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 546 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 878:

AAACAATCCC CnCCAAAGTA ATTCCACCAC TAATTGTAAA TAACTTTGGA AAGGATGTTG 60  
 35 TTTGTnATTC CCATGGACAC ATGCCATCTn ATTTAAGTTT TATACTCTAT TTTTCTGATG 120  
 TCTTGATTAA TTGCAAGCGG TCTTGCAGAG CTTGTTCAAG CTCATATTCT TTATCTACTT 180  
 GCTTACCGTT TTCrYTTATT AATCTTACGG TTGCGGTAAT CTTATCACCA TGTTTTTCAG 240  
 40 CATCTATAAT TTGTGGTGAA CTAATCATCA TTAAACTTCC TTTAGATACA CGCTTCTTTA 300  
 CATCATCATA AAAAGATGAT CCTTTTTTTA TATATGATGA TACAAAATCA AAATCCGACT 360  
 GATTAAACGC AGCATTATTC GCTAAAGAAT ATCCAGCAAA GAATTCATC AATTTGTTCT 420  
 45 TCAAGCTGTT TTCTTCTTTT TCTTCTTTT CAACATAGTC TTCGATATCT TCACTGTCAA 480  
 AATTCAAAGT TATCTCTGTA TTGTATTTTA AATCGCTAAG CTTAATCGT CTTGCTCTGT 540  
 50 GATGTA 546

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 879:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 870 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 879:

	TTTATGAATT TTTATGTAA CATTAAATAT TCTTCTGGCA ATCTTCctAC TATktCTkTT	60
10	ATATATCCTT CTTCTCCTTC TTAAATACT AAACCTGTGG GAGTTAGTGT GTTATACCTA	120
	ATTTCTATCT CATTCAAATG ATCATTCAA AGGTCAAAAA ATTCTCTATT AAAATAACCC	180
	CATTTCCCAT TTTGTAATAA ATATTTCTTT CCATCTTCCA TTTCAACTTC TGCATGTAGT	240
15	ATCGTTTTTA GTaGCATATT ATTTGAATGC CCCAAATTAT CkATCACKtc AATTCTGACA	300
	TCATTTATAG AATTAACGTC ATATTTTAAT AAGTAATCTC CTATTTcAGT GATGTAATCA	360
	ACTTCAGGAT CAGTCGCATC AAATGTCTCT AATGTATTAT TTTTAAAAGA ATTTATATAT	420
20	ATATTGACGT CGAGCATATC ATCTAACAA AGTATCATAT TACTTAGTTC TAAAAATCTT	480
	GATATATCTA TAGATATATT TTCTGTAGTT GAAGAATTCG ATAGTTTTTT TAGCAATAAA	540
	GTATCTAATA CTTCTATTTT ATTCAAGTCT TTTAAAGTTA CTATTCTAGG AAATTCACTA	600
25	ATTTTTTGAG GAAGATTAAT AATAGCGTTT ATTTCTTTGA TTATCACACT AATTTTATCT	660
	ATGaATTGCT GcTTTCTATT CGGtACACGC AATGaAATAC TTGTACCACA AGTCCATTGt	720
30	TTTTCCaAAA ATTTGAGGaT TCTGTGGaTG tCCTTGGaCT GGaTATATAA GATTCTGAAG	780
	GTCTAACGTA ATCTACACTA TTCCTTCTAT AATTAACAAT CTCTTTAAGC CTGTTTTGTT	840
	GAAAAAAATT AACATTTTTA nTAACTAnGG	870

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 880:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 880:

45

	GGTTTACATC TTTATCAACT GTAATTTTCAT TGACATCTTC ATTCATATTT AAAACACCAT	60
	TAAATGTCCC TGAATATTCA CTTGTTTGTT TAACTGTGGC AGTGAATTGT CGTTACCATA	120
50	TGTCATCATA TATTGTGCAA ATGTTAAAGT CCCCATGAG TTGACCGACA AAGTTGAATT	180
	TATCGAATTG TATTCAGATT GTAACTTAG CAGACATTTT TAACCACGAG CATTCTTATC	240
	CAAATAGnCC TTGTCTGTTA TTTTCAAGTC AATTTTCACA ATAGGATCAC TGCATCTTTT	300

55

ACCCTCTTTT TCTGCTnCTC ACATAACTTT CAGATGGACT

400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 881:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 333 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 881:

AAGATATTGC GAAAAGAAGT GACAGTAACA GAGGAATTTT AAAATTTATT CAACCATATA 60  
 TTGAAAATTG ATGAAATGGT GCATGCAAAT GAAGCGCGTA TTGCGTATGA AGCAGACATG 120  
 CGAAAACCTT TATATAGTAA ACGCATTAT CAAAATTTAA CATTAGACTC TATTGTTTTT 180  
 AGAAATACAT TGAGATATAC AGCGATTATG ATGATAGCGG ATATTTATTG CGTTAATGTT 240  
 TGATTTTGAA AAAGCATCCT GGATCCCGTT ATCTGCACAT CCAATATTCC TAGGGCCATC 300  
 AnCCTATACC ATGCCATCCG AGAGAGGTAT GGn 333

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 882:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 617 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 882:

ATTGAAAGAA AAAGTACGT ACTTATCCGA TGATAAAATG AAAGAAGTAG ATAATGCACT 60  
 AATGATTAGT TTAGGGCTGA ATGCAGTAGC TCACCAGAAA AATTAGGCGT CTATTATATG 120  
 TATTTTTCAG AGATAAATAA AATATTGATA TAAAAGACAA TAACTTTATA ATAATTATAA 180  
 CTATTTCTAA ATTCTGTACG AAGAATTTTC TTATAAACAA AGATTTTAGC AAATACCAGT 240  
 TATGATATTC ATATTTTTTA TTATAAAAGG ATGTCTTAAG TTTTITAGGC TTTAGGTATT 300  
 CCATCCTAAA GTTTTTTTAG CTTAAAAGTA TCATCTACAG CAAAATTGCA AACGACAAAA 360  
 TTGATAAGTG CAATTAAATA AATGTTAGTA AGTGAATCAT AATTATCCTT GCTTAAGCAT 420  
 TTGCTTTGTA AGGGAAGTGA GGAGGCAACT AATCGTGGAA GAATTTAAGC AACATTATAA 480  
 GGGTTTAATT GATGAAAGTT TAACGTGCCA AGATAAAGTA GAATTGATAA AAAAGTGTGA 540  
 GAAATACACT GACGAAGTGA TTCGTAAGGA CGTCTTGCCT GAAGACATTG TCGATATTCA 600

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 883:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 583 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 883:

```

5      GTTGTATTAA AATTTTTCAA TTAAACAACG AAACAATACG AAGAAAAACA TATTACTGAG      60
15     CCACTGGAAT TGACGAGCTT ATTAGGTAnT ATTTCTCGTC TAGACAATGG TCATTTTGCA      120
      CATTTGCATG CTACTTTCGG TACTCAATCA TATGAACTT TTAGCGGACA TCTCGCTAAA      180
      GCAATTGTTT CTGCAACTGC TGAAATCATT CTTACTGTAA CTGATTTGGA CATTCAACGT      240
20     TCATTCAAAG ATGCAGTCGG TTAAATTTA CTTGATCCTC AATAGCACTT TACTTTTTAG      300
      TTGAATCAAA TTTTATTACA AGTTATCATA AGTGCTTAAT CATAAATGCA TTCTCGTTTA      360
      TTAATATACT TCAACGAGTT AAATTAAATT TTTAATTAGG AATTGAATGC GTTTATAACT      420
25     ATCACATTTG aATGaATAAC TTTTTCATTA GAAAGTAGTG TkTATTATTG aTGCAATCTC      480
      GaTACATCGC TAGAATTTAC TTTtaATTTT ATTTATCGTC TCCCTTnTTG AGACTAAAAT      540
30     TTTTCAATTT ATGACTTTAA ATTTGTTTTT AGCATATATA CCT      583

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 884:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 524 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 884:

```

40     GCAGAGGGCT TACGATAAAA AGAAAAATCT CGCTCGCCCG CTTCACTCAA ACTCACAAAA      60
45     GcTAACGCat GwyTGCTyCA TTCGTGCGAT ACACTTTTGA TACATCTACA CCAATACTTG      120
      ATATCGTTTC AATAATGCTA TCTCCAAATG CATCATTACC TAATTGTGTA ATCATAtACG      180
      CTTGTTGTCC LAACTTTTGA ACTGTACAAG CTACATTGCA TGGCGCGCCA CCAATTTGCT      240
50     TCGTAAATGT TTGAACATCT TTAAATTCG CATTTGTAAC ATTTGGAATA AAATCAATTA      300
      ACGCTTCTCC TATTGAAAAT AGACGTCTCA TTTATGTTCA TCCTTTAAAT CATATTTAGT      360
      AAATTGTAAA TATACTTGCC CTGATTCTGT TGATGTTTTA ATACCTAGTG CGTCTTCTGT      420

```

TGTATCAACA AAAATTTGTA ATTGCTTTAA TGGCGTGTCT AATA

524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 885:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 885:

15	TTAATGATTT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG CGCAAGTACT	60
	TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT CATGCTATTC	120
	ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAATACGC AGCATCAGCT	180
20	TTTAAGTAAT GGCCTAATGC GTCACCTCCTA TATCTCCGGA TAACATCTTC TGAATAAAGT	240
	CATCCTCATA AATATCATAA TGATGGCTTG CAGCTGGGTA CAATTTTGTG AAATTCCATG	300
	TAAAAATCCT CCCTAAATAA AAACTACTT CCAACATGAA GAGTTGAGGC ATGTGCAAAC	360
25	TAGCCCATCA CTCATAACAC TTCCACGTGG GACTACCAAC	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 886:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 857 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 886:

	AAGAATTTAA ACAAATGAT ATTTGGAAAC ATTTTAAAGC TGTGAAAAAT AATCATGTTT	60
40	ATGACTTAGA GGAAGTGCCA TTCGGTATTA CAGCAAATGT TGATGCTGAT AAGGCAATGA	120
	CTCAATTATA TGATTTATTT TATAAGGATA AAAAATAGTG AGTTGATATG ATGATAAAAA	180
	ATAAAAAGAA ACTACTATTT TTATGTTTGT TAGTCATTTT AATCGCAACT GCTTATATTT	240
45	CGTTTGTAAC CGGTACAATT AAATTGTCAT TTAATGACCT ATTTACAAAA TTTACAACCTG	300
	GTAGCAATGA AGCAGTGGAT TCAATCATTG ATTTGCGATT GCCACGTATA TTAATTGCAT	360
	TGATGGTTGG CGCAATGTTA GCAGTTTCTG GAGCATTATT ACAAGCAGCA CTACAAAATC	420
50	CTTTGGCAGG GCGAATATCA TTGGCGTTTC CTCAGGTGCA CTTATAATGA GAGCCTTTGT	480
	ATGTTGTTTA TTCCACAATT GTACTTTTAC TTACCATTTAT TAAGTTTAT TGGAGGTTTA	540

ATATTAGTAG GTGTTGCGTT ATTCGTATTA TTAAATGGTG TTTTAGAAAT TTAACTCAA 660  
 AACCCTTTAA TGAAAATTCC TCAAGGCTTA ACAATGAAAA TATGGAGCGA CGTATACATA 720  
 5 TTAGCAGTAT CAGCATTATT GGGATTAATA TTAACATTAC TATTGTCCCC TAAATTGAAT 780  
 TTACTAAATT TAGACGACAT ACAAGCGCGA ATATCGGTTT TAATATTGAT CGTTACAGAT 840  
 GGTTAACAGG GTTATTA 857

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 887:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 675 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 887:

GATTTATTTT AATATTATTG TTAGAAGGAA TTTTACAAA TTCAGCGAGT GCAATCGAAT 60  
 ATTCAGACTT ACATCATAAA AGTAAGTTTG ATTCAAAGCG TCTAAGTAAT GCTAAGATGT 120  
 25 CATTCAATCAA TCCAATCAG CTTGAAAATA AAAACACAAA CGATAGACTG TTGAAGCATG 180  
 ATTTGTTATT TCATGACATG TTCGTAAATG ATGATTGGAA AAAGGATTTT AAAGTTGAAT 240  
 TTGAAAATGA GGCACCTTCA AAGAAATTTA TAAATAAGGA TATCGATATA TTTGCTGGAA 300  
 30 ATTATGGATA CGGATGTCAT GGGGGAGCAA CCAATAAAAC GCAATGTAGT TATGGTGGTG 360  
 TTACTTTAAG TGACAATAAT AAATACGATG ATTATAAGAA TATACCTTGT AATTTATGGA 420  
 35 TTGACGGACA TCAAACAGAA ATAGAACTAA CTGCAGTAAA AACGAAAAAG AAAATTGTTA 480  
 CTATTCAAGA ATTAGAGGTT CAATTAAGAA ATTATTGAA TGAGAAGTAT AAGTTGTACG 540  
 AACAAGGTGG CGACATTGTT AAAGGGTATG TTAAATATTA TAATGATGAT GAACAAAATG 600  
 40 TAGAATATGA TTTTATAAT TTAAATGGTG AGTATGGTCG TGAGGTATTA AAAATGTATG 660  
 CnGATAATnA AACnA 675

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 888:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 851 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 888:

AATTCCTAAT TAACAATGCC TTCATTTAAA AACCTTCTTC CATCAATTTG ATGTTTTTCAT 120  
 GATATTTAGG TTTTCTCTTT TCAAGATAAA CCATTAAGTy CTCAATAGAA GGTGTAGTGA 180  
 5 TATTCACITTT AKGACCTAAA ATTTCTTTAA ATACTTGCGC ATGTTCTGTT AATCCTATAA 240  
 ATCCCGTACG CTTATGTTCT TCATAAATAA GTAGAGATGC TAATTCATCA TCAAGGTCCT 300  
 CAATAGCACC ACTCACAAC T GATATCTTT GTAACAGTTG TTCTTTTGAA CCATTTAAGA 360  
 10 TAACTTCACC GTCACCTAAG TGAATGATAT AATCAGCTAT TTTTCTAAA TCTGAGATAA 420  
 TGTGTGTCGA CATGAATATT GTTTTATTTT CATCAATTAA TTCTTGCTGA ATTATCTCCA 480  
 15 ATAGCTCATT TCTAGCTAAG GGATCGAGAC CTGAAGTAGG CTCATCAAAA ATATACAATT 540  
 CAGCATGATG TGAAAATGCA ACTGCTAGTG ATAATTTTCAT TTTCATCCCA GTCGAAAATG 600  
 TTTTATTGA TTTATTGATT GGTAAATCGA ACTTTTCAAG ATAAAATTCA AATACTTGAT 660  
 20 GGTCCCATTT ACGATAAAAA GGGGCAATCA TTTTTCAGG TTGCTTCGTA GTCCATCTCT 720  
 CATTAAATA ATTTTCAGAG TAAACnAACC CAATTCTATT CTTTAACTCT ATCGGATTGA 780  
 GAGCCATATC CTCTTCTAAT ACTCTAATAA CACCAGTTTG TGGGTGATAC AAATCCATAA 840  
 25 TTAACCTAAT n 851

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 889:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 30 (A) LENGTH: 362 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 889:

AATCACCTTC ACGCCAATAT TGATTTTCAT GCGTAAATAC TTGTGCCGTT TCATGATACT 60  
 40 TTGTCAATCG TCGTGTTGC TGGGGGAAT ATTTTTCAGT AGCCCAATTG GCTGCATGAC 120  
 CTTCAATGGC TAGTTCAATT GCAGGATTAA TTAAATCTTC CAATGACAAT TTAGCATAAC 180  
 GCTTGTGAAT ATAATCAAAC AGCTTTGGAA TTGCTGGCAC ACGACAGTTT TACCATGTGT 240  
 45 AGTCATATCA AAAAATGATT TATATTCGCC TGAATCAnCT AGATAAAATT GGTTGGCTAC 300  
 ATGGTCAGGG TGCTGGCTCA CGGTGCATCA AACGCGnTA ATACTGCCCA GTACCTTTGC 360  
 50 TC 362

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 890:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 55 (A) LENGTH: 747 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 890:

	TTGGTTTATT CCCAAAAAGT ACGCGAAAAT TAGTAGAGAA GAATTTGAAA GTTTAAATAT	60
10	TGTCAAACCC GCTAAAAATA ATACTTTCTG GCCTGTTGCA GGATTTGCAG TGTATTAAAC	120
	AACCTTAACA AGAAAATATA TCTATTTGCT TAACATCCAT TTAGAAAAAG AAATAGTTAT	180
	ATTAACATGC TGTATGATAC TTCTAGGTGT TTTGCGATTG TTTATATATA TAAATACAAA	240
15	ATTGAAGTTA CATATTTTTG ATAAAAATAA AAGTAATAAC GAAAAGATCA TATTAATACC	300
	TACATTTAAA AATATTTGTT TATCCTTATT TGCTTATATA TTATTTGGTG GATTGTCAAC	360
	AATGGCTCTG AGTATGTTAG TAACCTCATC CCCTCAAAAT ATAATAGAAT TTCTTGCTTT	420
20	AATTGGCATG ACTGCATGCT TCTTTCTACT GAATATGTCA TCGGTTCTAG ATAAAAAAAT	480
	TCATGTTATT TTAAAAACAA ATAAGTAGTA AAATTGATTA ACTTAGGTAG TATCGGATAC	540
25	TTAAATGTTG GTTCATAAAA AGCAATGATT TTAAATCGAG GAGCTATCTT AGAAcAGGGA	600
	AATAAACAG CCAAAGTTAT AAAAAGTGAA TTAATAACTA ATTATATTAT GTTAGCCACG	660
	CTTCAAATAA AAnATAATTA GAATAAGGTG GGATTGATAA TCAAnGCTAn GCGAATCTAA	720
30	AATCATCAAT AAAAACCCCA AATATAG	747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 891:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35

(A) LENGTH: 526 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 891:

	ATTTTGAAAT TTTAGCAGAT ACTGATAATG GTCTCGATGC AATGAACTT ATTGAAGAAT	60
45	ATAATCCTAA CGTTGTTATT TTAGATATAG AAATGCCAGG CATGACTGGA CTTGAAGTTT	120
	TAGCGGAAAT TAGAAAAAAG CATTTGAATA TTAAAGTGAT TATTGTAACA ACTTTTAAAA	180
	GACCGGGATA CTTTGAAAAA GCAGTTGTGA ATGAtGTGGA TGCATATGTT TTAAAAGAAC	240
50	GTTCTATAGA AGAATTGGTG GAAACCATTA ATAAAGTAAA TAACGGAGAG AAAGAATATA	300
	GCGCCACATT GATGACTTCA TTTTTTGTAG ATAAAAACCC ATTAACGCCC AAAGAACAAA	360
55	TTGTATTAAG GGAAATTGGC AaTGGTTTAA GTAGTAAAGA AATAAGTGAA AAATTATTTT	420

ATCGTTTTGA TGCTTGGGAA AAGGCAAATG AAAAAGGCTG GACCTA

526

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 892:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 751 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 892:

15	TATTTGATGT AAAAGCGAAn GAACCATACA ATGTAACAAT TACTAGTGAT AAATACATCC	60
	CTAATACTGA TTTGAAACGT GGGCAAGCTG ATTTATTTGT AGCGGAAGGT TCTATCAAAG	120
	ATTTAGTGAA ACATAAGAAG CATGGTAAGG CAATTATAGG AACGAAAAAA CATCATGTTA	180
20	ATATTAAGTT ACGTAAAGAT ATTAATAAAA TCTATTTTAT GACAGATGTT GATTAGGTG	240
	GACCAACGTT TGTCTTAAAT GACAAAGACT ATCAAGAAAT AAGAAAGTAT ACAAAGGCAA	300
	AGCATATCGT CTCTCAATTT GGATTCGATT TGAAACATAA AAAAGATGCT TTAGCATTAG	360
25	AAAAAGCGAA AAATAAGTT GATAAATCTA TTGAAACAAG AAGTGAAGCG ATAAGCTCAA	420
	TATCAAGTTT AACCGGAATA TTATTATTTG TAACATCATT TTTAGGTATT ACATTCTTGA	480
	TTGCTGTATG TTGCATTATA TACATAAAGC AAATAGATGA AACCGAAGAT GAGTTAGAGA	540
30	ATTATAGTAT TTTGAGAAAG CTTGGATTTA CACAAAAAGA TATGGCAAGG GGAATAAGT	600
	TTAAAATTAT GTTTAATTTT GGGTTACCTT TAGTTATTGC ACTATCACAT GCATATTTTA	660
35	CATCATTAGC ATATATGAAA TTAATGGGTA CAACGAATCA AATACCGGTT TTCATAGTAA	720
	TGGGATTATA CATTTGTATG TATGCTGTTT T	751

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 893:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 357 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 893:

50	GGATGTTGTA CATTATTCAG ATTACTTTGA AGGGGCACAA AAATATTTGA GCTATTTAAA	60
	ATCAACAGTA GATGTAACT TTGAAGGTTT GAAAATTGCT TTAGATGGTG CAAATGGTTC	120
	AACATCATCA CTAGCGCCAT TCTTATTTGG TGAATTAGAA GCAGATACTG AAACAATTGG	180

TAGCTGAAAA AGTAGTTGAA ACTGAAATGA TTTTGGGGTT AGCATTGGA CGGCGATGGG 300  
 AGACAGAnCC ATAGCAGTAA GATGGAGAnG GnCCAATCCG TTGACGGTGG ACCCAAT 357

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 894:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 464 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 894:

GCTAACCTGC AAAATTCGAT AAGCGATTCA ATaCTGAcGC CTGcATTTCG CAAATTTTTC 60  
 ACTAAATAAA TCCAATTTAA ATCACTATCA TTATATATTC TATATCCATT TTCATCTCGA 120  
 TTAACCTGGTG GAATCACACC AACCTTTTCA TAATATCTTA AAGTGTCTTG AGATATATTC 180  
 ATGAGCGCTA CGACTTCTTT AGTTTTCACT GCGACTATCC TTTCAGTTAT GTTTGGTCGT 240  
 CTAAAGTAAT GTTGCTTTAT ATATTGTCAT CTTGCTTTGA ATACTTCTTA TTTTATTACT 300  
 CAAATTTAAA TTTGTCTCTT TTTTAACATT TTACATTTCA TCGTTTTTAA TTACTTTAAA 360  
 AATTGTATAA CTkAAATATT TAAAATGATA TAAwCACTAA GATTGaTAAT AtTTAATTnT 420  
 TTGGAAAATT ATnTTAAGTT GCCAATTTTG GGGGGATGCG GAAA 464

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 895:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 599 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 895:

AnAATGAAAG AGTTACAGGA CTTTATTGCT CGTTTCTCAG TAACGCTTCT AAATCTAAAC 60  
 AAGCAACAAG TCGTAAAAAA CAACTCGAGA AAATTGAATT AGATGATATT CAACCATCAT 120  
 CAAGAAGATA TCCTTTTCGTT AAATTCACAC CTGAGCGCGA AATCGGTAAT GACTTACTAA 180  
 TCGTTCAAAa TCTATCTAAA aCGATTGACG GTGAAAAAGT ATTAGATAAT ATTTCAATCA 240  
 CAATGAATCC AAATGATAAA GCAATTTTAA TTGGGGATAG TGAAATTGCG AAAACCACAT 300  
 TGCTTAAAT ATTAGCCGGT GAAATGGAAC CAGACGAAGG TTCATATAAA TGGGGTGTA 360  
 CAACGTCATT AAGTTACTTC CCTAAAGATA ACTCAGAATT CTTTGAGGGC GTTAATATGA 420

GCGGCTTCTT AGGCCGTATG CTATTTAGTG GAGAAGAAGT TAAGAAAAAA GCTAGTGTAC 540  
 TTTCAAGTGG AGAAAAAGTA CGTTGTATGC TAAGTAAAT GATGTTATCA AGTGCAAAC 599

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 896:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1057 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 896:

TCATTAGTAG AAATCGTTAA AGATGCATCT TGCAATTTAA AATCCGAATC TTTGTATTGT 60  
 TTGTTACAC TATCTACGTT TAACAATGTT GTCATATCCA TGCTCCTCTT TGTTTAATTT 120  
 TAATAAAAAC GTCTTCTCTT CAATAAATAA CTAAAGGCGT TATATATGAA AATAGCAATG 180  
 ATAAGTAGCA AACTAAAGCT TTGATTAATT CCAGTAGTAA TTGAATAAAG CCCAATTACT 240  
 ACAATGGCTA GTATCAATAT TGATAAGTTG ATCGCATATG TTTTAAATAA TGCAATTAAT 300  
 TCTATATGGC GTTCACCTTC ATCCAATATT TCCAATCGCT TTTCAAGTGA ATTCTTATCT 360  
 GCAATTTTTG GTATTCTGTC ATCAAACCTT CTATTAAACA GTGTAAATTG TGTATTGAAA 420  
 ATAGCACTAG CAAAAAATGG TATTAAAAAG AATAGTATTG CATTTGCTGC AGCGTGCCCT 480  
 ACCACAAAAA TAAGCAATAC TAAAAAAGCA ATAAGTGTCT GCAGAATACT TAATATACTT 540  
 CCATTTAAAA CATAACGATT CGCAAGCAAC TCATATTGAT CTGTTGCATC GATATCTACC 600  
 TCTTTATCTA CAAGTTGCTT ATACTTCAAT GCACGTCTTT GATTCATCAA AACAATGGCT 660  
 TCTACCAATA TGATAATAAT CGTCGCAACA ATCGATATTA CAACGACATT GTTATATGTC 720  
 GCAAACGTCA AGTTCTCAAT ACCAAATCCA TCAAAATTAC CTAAAATTCC ACCTATGATA 780  
 CCCCCTACAA GTCCACCCAG TAAAGATAT CCGATATATC TTAGTATTTT CATGCCTCAT 840  
 CCTCCTCAAT AATAAAAACA GTTYCCACCG TTTCATTGAA AATGCGAGCA ATTTTATTG 900  
 CCGTTAATAC TGATGGCATA AAATTGTTTC GTCGAATTAG CGATATGGTT TGTCTTGAAA 960  
 CGCCCGCTTG TTAGCAAGT TCGGTTTGGT TTAAGCCATC TCGTGCTCGT AATTCTTTCA 1020  
 ATCGATTACG CACATCGCAT CAACTCCnTA ATTACAC 1057

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 897:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 336 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 897:

5 AAATTATTGA GTTAACAAAT CATTACGGAG CACATAATTA TTTACCATTG nCAATTGTCA 60  
 TTTCAGAAGC CGAnGGGGTA TGGGTAAAG ATCCTGAAGG CAATAAATAT ATGGATATGT 120  
 GAnCTGCATA TTCCGCTGTT AACCAAGGTC ATAGACATCC GAAAGGTATT CAAGCATTA 180  
 10 AAGATCAAGC TGATAAAGTG ACTTTACTCT CACGTGCTTT TCATAGTGAT AACTTAGGTG 240  
 AATGGTACGA AAAAATTGT AACTGGCAG GTAAAGATAA AGCTTTACCA ATGTAATACA 300  
 GGTGCTGTAA GCAGTAGAAA CAGCTTTGAA AGCAGC 336

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 898:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 302 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 20 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 898:

25 TGnTGnTTTC TTATTGTTGA CCAATTATTT TGCATACCAA ATCCAAATCA TGTATTTATC 60  
 AATCATATCC TAATGCTAAA TCCAATGTAT TACATTGTTT AATGGTATAG CACAATCTAT 120  
 30 CATATTTGGT ATATCAAGTA TGGAAAACAT TCCATATCAT TTTTACTTTA TTTTATTCTT 180  
 ATGTTTAATA GCTGCAGTAA ATTTCTGATT AGCAGGTATA CGACACACGG CAATTTATAA 240  
 TAAAACATCT AAAGTGACAC AACTGATAA TCAACAGGGA GTTTCAAAGA TAGTCAGACG 300  
 35 GG 302

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 899:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 469 base pairs  
 40 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 899:

45 CCACTAGCTG ATACAGTAGG TATACCAAGA TTCGTCATCG TTACGACATA TCAATTGGT' 60  
 50 CAATATGCGA TGTTATTCTT AGCGCCGACT GGAcTTGTTA TGGCCACACT ACAAATGTTA 120  
 AACATGCGAT ATTCACATTG GTTCCGATTT GTATGGCCGG TAGTTGCTTT TGTATTGATT 180

55

TATAAAAAAT ACTAATGGGG TTTTATGCAT CTCGTAGGTT TGTAGAAATA CTAAACTAAG 300  
 CGAGGTGCAT TATTATTTTT GATTAAAGAAA ATAATGACGG TAATGATAAC ACTAGTAAGT 360  
 5 AATTGATACA ATGCTCTATT TAATAATGAT ATTTTAAAAA TTTGTTTTTA ATGTAATGTT 420  
 AGATCTATGG TATATTATAT TTAACGTGGT AAATATGTAT TTGCTGTAA 469

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 900:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 821 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 900:

20 CTTTATTGGT AACTCTCTAT aATAtTTaA CATTTTTACG CTATCGTGCA AACGCAaCa 60  
 CTTTGAATTy TCTGATATTT TTAGCATATA ATTTACACCC TGCACGATGA ATTGTTAATC 120  
 CAGTTGTATA AATATCGTCA ACGAGTAATA TTTCCTTACC ATTTAAATCT AATCCGTAT 180  
 25 CAATAATAAA TGGATTTTCA TCTGCCAGAC GCTCTTCTT AGTTAAATGA GACTGTTTTG 240  
 GTCTATTTGA CATCTTTAAA ATCTTATCaA AGCGAATCCC TTTAGCTTTT AGTACTGCTT 300  
 CTACCGGGT AAATGTTCTA GATAAATCAT GTGCCGGCGA AGAAGGAATT GGCACAATAT 360  
 30 AGTCATAAGA TGTGTGGT ATTTCAATCA AATGTGCCAA TAATTCACAT AAATAATAGT 420  
 CTTTCAAAA TTTATACTGA TGTATCATCT CTTTCATTAA ACCGTCATAT TGAAATTGAC 480  
 AATATAATTG TTCCATTAAA TTAAAGTGTG CCGATAGAAA CTGTCAGTCT AAACAATACG 540  
 35 CTTTCATCTG ATTTAAGTGT TTTAAGCACC TTGAACATCG CCTTGCTTTA ATATCAAGTT 600  
 TAATATTGTC CCAATTCTCT TTGCATCTGT CACATAATCT ATTAGGTTTC TTGAACAAAT 660  
 40 TATAAATGGT TATATTTTCA TATAACTTAG CACCACAACCT CAAACAATTA TTCATCAATC 720  
 CAACCTCTTT TTAATGCTAA TTTGTTTCATC CTTTGAATCT CTTTTTTAGC TTGAATCATA 780  
 TTCATACTTA CCCCTTnCAT GAAAAAACAA TACTTTTTCC A 821

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 901:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 349 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 50 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TGATGCTATT AAAAAGTTAA TTGTGCGGTC TGTTTTGATA ATTTTAATAA TAACTTCAGG 60  
 TAACTAAAA TCCTAATATT GAAAAACAA AGCCATTAA AACATAACCT AGTATATTCC 120  
 5 ATGTATGATT GTAACCTATT TGCCAGTTnT GTACTGACTT GCATAATTCT GTCACGTnCG 180  
 AACCATGTAC AAGCCTGCAA CTACTGCTGA ATGATTCCCTG ATGCGTGAAC AATTGAGCAA 240  
 TTAAATACGT AACAAATGGT GTTACAATTG AATAATTGAA ACATATTAAT GTTTCATATC 300  
 10 CTCGACGnCA TCAATGTTAA TCCGGACCTT ACTAATGCAT ACCTATAAG 349

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 902:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 390 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 902:

CAAGTGGTAT AAATTTACCT GGTGAAATGT AGGTCGTGGT GGCGATGATA CATTATTTCG 60  
 25 TAAAATCGAC GCGTTGTTA AATTCGAACG TAAAGGTCGC GACAAAAAAC AAGTTTCTGT 120  
 ATATGCAGTT AGCTGAATAA TTTTGTCTAG TTAACACCAG AAAGTGAATC TTCTGGTGTT 180  
 TTTTACTTTT TATAAAATGT TTTTCATTAT TATTTTCATT ATGnTATTTA AAAATGGGGA 240  
 30 TTTTAGACGT TATACTAAAT GTGCACTGTA TAGGGGCCCT AATCACTAAC TATAGGGGGA 300  
 CAAGGATACA GTGCAGCGTT AAGGATAACT GnCCACATTG GTCTGGGAAT ATAGGATTTA 360  
 AGCAAGGTTA TAAAGTACTC nTAGGCCCTA 390

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 903:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 334 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 903:

GGAATAGACG TATATGCGCG TTGAATTTAA TCCTAATAAG CTTTCGCATG ATGAAGTGCT 60  
 TTGGTTAAAA CAAAATATCA TCAGTTATTT GGACGATGTT AGTTTTACGA GATTAGATTT 120  
 50 GGCTTTTGAT TTTGAATTTG ATTTAAATG ACTATTATGC ATTGTCAGAT AAGnCGGTAA 180  
 AAGAACTAT ATTTTATGGC CGAATGTAAA ACCAGAACAA AATATTTTGG TGnCGAATA 240

GATTCACATT CTATGCGGTG GAATTGATTA AACG

334

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 904:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 334 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 904:

CAAGTTGGGG ACACTGTTTC AAATGAAACA ACAGTGTGTA TTTTAGAGGC AATGAAACTA 60  
 TTTAATGAAA TTCAAGCAGA AATTTAGGT GAAATTGTTG AAATCTTAGT AGAAGACGGA 120  
 CAAATGGTAG AGTATGGCCA ACCGTTATTT AAGGTGAAAT AATGAAAAAG GTTTAATTGC 180  
 AAACCGCGGT GAnTCGCAGT TAGGATTATT CGCGCTTGTC GTGATTTAGG CATCCAAACT 240  
 GTTGCATCTT TCTGAGGGGA TAAAGATCGC TACATCTCAA ATGCTGATGA GGCATATnCG 300  
 TGGGCCnCTT GTCTAAGGTC ATATTTAATA TCCG 334

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 905:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 905:

TTCACCCTGT AATTCTTaAC CGTCAATTGA CCTTTATGCA GATTTAATAT TCCTAAAACG 60  
 TATAACTCTT CTAATGATAA TTGACACATA TTTAAATAAC ACTTTAGATT CCGCAATAAT 120  
 TCTTGTGACG ACAATAAATA CGATACATAG TCACAACTAA AATCAAATGT ATATTGACCA 180  
 AAATAACGTT CAATATAGTC ACTAAGCTCA TTATTCATAT ATTCTATTTh ATCTATATGC 240  
 ATTTTATTAA TCGAAATAGT CAATTTACGT TGATCCCTTT GATCTCTTCC TTTCAATAGC 300  
 CATTGATGAT TGThTAAATA ACTTAACATT TGAAGAAGGG CCATCTTAGA TTGGATTCTT 360  
 TTCATTnTTA ATAAACTATC TATTGAAGCG CTATTGGAA 399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 906:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1478 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 906:

5	TACATTTTTC AATTTATGGC AAAATnCACa ATTTTCATCG AAATATTTTG TAnAnAATCA	60
	TTGCTAGGTG ATGAGTTATC TCGGTTAATT ACAAACGAT ATCTAAGTTT AAATATTAGA	120
	TCATAAAAAA ACTATCTACT GAATATCCCT CCATAGCATC ATTTTCTAA GCAAAAGTTA	180
10	AACTTAGTTA GATAAAATGC AAATGAGATT ATTGTAGATA GTCTCTTTT AATGTTTAAA	240
	AATGATTAAT GCCaTAAACA TAAATAATTC CaAAGAATGC CGCGCCACTA AGCACTGTTA	300
	ATATAAGACT TAGTAACAAT GTGCGTTTAT AATGTTTaAC AAATGCTATG AACAAAATGA	360
15	CTACATTATA CGCAAAGAAA AGTCCGAATA ATGTCATTGT TATTTTCAAA TCAGAATAGA	420
	AAATATTTAA TAGTAATACA ATGACTGCAT AAATTAAATA CGGAATAACT ATAAATTTGC	480
	GTTCAAATCT TAATTGTTTCG AAaCGtTTAT CTTGCTTTGT CATGATATGC TCCTTTATGA	540
20	TTTAAAAGTA AATAAGTTTA CGGAAtATCT TGTCCGaTAA TAGCGGTGTA AAtGTCAAAC	600
	CACGACTGAT CATCtAAATt AAGTkGTAGC CctTCGATTG CTTGATCAAT ACGCTTTAAC	660
	TGACTTGTTc CAAGTATCCG GCATGATACG ATGCGGTATT TTTACTAACC ACGCTATCAT	720
25	CACAGCTGTG TCACTyACAC mATATTTGTC AGCTATTGAT TGAACAACtT TCATAATACG	780
	TTGCGCTTTA ATATCTTCCT TGTcGAAAAT TTTACCGCCT GCAAAAGGAC TCCAAGCCAT	840
30	GATTTGAACA TGGTTTTGAT ACATTGAATC CATTGTTCCA TCTTGTA AAC TATCAACGTG	900
	ATATGGCGAT AATTCTAATt GATTGATGCT AATATGTAGT CTTTCTTTCA TAATATATTG	960
	ATTTAACAAT TGGTATTGTG AATGATTAAA ATTcGACACC CCGAATGACT TCAACTTACC	1020
35	TTGTTTAACA AGTTTAGTTA ATGCATCAGC AACTTGTTCT GGaTCCATCA ATGGTGaAgG	1080
	ACGATGAATG AGTAGACTAT CTAAATAATC TACATTCAAA TTGATTAATG ACTGTTCAAC	1140
	AGATTTcACG ATGTGCTTAC TACTCAAATC ATAACGATGT CCATTTGTAA AATCAAATTG	1200
40	CTTAGAAGGC AAAATGATAC CACATTTCGT AACAATTTGA ATTTTATTTc TTAATTcGGG	1260
	TGATAAATCC AAAGCATTAC CAAACAGTGA TTCACATTGA TAATCTCCAT AAATATCAGC	1320
	ATGATCCATC GTTGTAATTC CACGTTCAAC TAATTCATTT ATAAAATAAT TTAActCTTT	1380
45	CGCAGTCATC TTCCATTcAT TTGCACGCCA AAAACCTTGT ACAAGCCTAG AAAAATGAAC	1440
	ATAGTGATTA ATCATTATTT GTTCCATATn TCATCCAC	1478

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 907:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 543 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 907:

	TTCTATGAGA ATAGATATTG TTAAATTAAAG AAAGTAGTCA ATTTTATTAT GACAAAAGAA	60
10	AGAAGAACAT TTAGTTCAGA GTTTAAGTTA CAAATGGTTA GATTATATAA AAATGGTAAG	120
	CTTAAGAATG AaATTATACG AAAGTATGAT TTAAAACCTT CAATTATCTC AAATTCGATA	180
	AAACAACACC AAAATACTGG ACCCTTCAAT CATCAAGATA ATTTAAAAAG TGATGAAAAA	240
15	GAGTTAATAA AATTACGCAA AGAAGTTCAA CATTTAAAAA TGGAACATGA TGTTTTAAAG	300
	CAAATTTTAA AGTTGATTTA GAACTGAAC TTTTAAAGA TACATTACTT GAAGATTCTA	360
	ATTTATCTGA TTATATAAAG AACCAACTTC CAACGATATG GAGAGACTAA GAAATAGTTT	420
20	AAATTTATTT AATTTCATA AAAACTCATA ATAATATTTA AGTAAGTTAG ATTGCTTTTA	480
	GCATTAGGAA TTCGCTTATA ATTAGATGTT CAATATAGAC TTTTTCAC ATACATGAAC	540
	TAT	543

25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 908:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 751 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

30

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 908:

	TTTnCGGTnG AACATGATTn CGATATTACT TCTAAAACGA TTCAACCAA ACCAGGAGAA	60
	AGTGTGGGAC GTTTAGTTAA TGTCGATTGT AAAGATACAG TACTGGAGTA TTCAGAATTA	120
40	GATCCAGAAG TTGCAAATCA ATTTAACAAT GCTAATATCG GTATTCATGC ATTTAAACTT	180
	GGTTTTATTT TAAACGCTGT AAATCGTGAG TTACCTTATC ATTTAGCTAT TAAGAATTG	240
	AAGCAATTAG ATGAGAACTT TGGTGTATT GAACAACCAA CTTTAAATT CGAATTGTTT	300
45	TATTTTGACA TATTTACTTA TGGAAGTAGT TTTGTCACGT TACAAGTTCC TAGAGAAGAA	360
	GAATTTTCAC CTCTTAAAAA TAAAGAAGGT AAAGATAGTG TTGCAACTGC AACAGAAGAT	420
	TTACGTAGAA TGGGTTTAAT TTAATGATAG GCGGTGACTA TGATGTCCAA ATCAACTAAA	480
50	AAAAGTAATG ACACAATCGT AGAAACATTT AAGGATATCA TCCCTTTATC ATTTGGAGAA	540
	GAAATTGGTA ATGCGGCATC TCATGGTGTT GCAGCTTGT TAACATTATT AGTGTTACCC	600

55

TATGTTATTT CTATCTTTAT GATGTTTATT TCATCTACTA TTTATCATTG TATGCAAAAT 720  
 GAAACACCTC ATAAATATAT TTTAAGGATT A 751

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 909:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 394 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 909:

AAATTGTCAC AATTCAGTCT AATTTAAAAG GAAGTTAATT ACAAATTAA AAAATCATGC 60  
 ATCGTGTGTCAT TTAGATATTG AAAAAGATGA GTCAAATTTG TTTTCATATAT TTTCCAATAA 120  
 CAAATTATTA TATCTAAATA TACAATCAGA AATATATGAA TAGAAATATC AATAAGAAAA 180  
 ATAATATGAT TAAAAATGAT GAATGGCATA CTTATAAAGT GTCTAAATAT TGGCGGTCAA 240  
 TATTACTTAC AAACACGAAT GTTAAGTAAT GTAGACAATG cTGaAAAAAC AATaAGTAGa 300  
 AACTCTATAT AGAATGTTTC TTTTATTATT TaATAATTGa ATAATCaTTA TTGGGTGGAT 360  
 TTTAATATGG nATTCCGGTC GGCACACGGA TTAC 394

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 910:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1022 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 910:

TAAAGCTAAG AAAAAAGAAA AACGTAAAGC TTATAACCAA CGAATGAAAG AACGTAGGAA 60  
 AAATCAACCT AGCGCAGTTA GTCAACGTCG AATGAATTTT GAAGAGCGAC GTCAAATTTA 120  
 CAACAATGAT ATTTCTGAAG AACGCAATTC AAGTGAAGTT AAGGACAAAA AAGAGCAAGA 180  
 ATAAATATTG ATGATACCCA GATTAGTAAG CAGAGGTCTT TTGCTTATTA ATCTGGGTTT 240  
 TTATATGAGG TTAATTATCG ATAACGTTTA ATTAAAGTGT TTAGGTGTCA TAATTTTAAA 300  
 TGACGATTTT CCCATTACKA TACACCTAAA TtATCATCAA TCTGaATTCA GATGTTTATk 360  
 ATAAAAATTA GATGAAAAAT ATGTTAATAT ACAAGkAaTT TAATGTGcGk ATATCTATAG 420  
 GCTCGTAGTA TACTTATTAA AATATTAAAC AAAGAAAGGA TTTTAAGATG AATAGAAAAC 480

GGCTATCCTA TTTTCTTTA AAAAGTGGTA ATGCATCACA ACGTGAAGAA TTAGCGAAGC 600  
 AATTATCTCA GAACGGTGGC AAGGTTTCTT TAGATATGCT TCAGACAACA ATGGGTGCAT 660  
 5 TAGCAATTAT TTTATTAATT TCAACACTTT ATGGTATATT TGCGACAATT TGTATTAAAG 720  
 GACGTAGAAA ATTATCGATT ATACTTTTTG TTATCGCGAT AATTGTAAGT TTGATGGCTC 780  
 10 TTAATTTAAT TGCAATTGTC TTATGGGTTA TCGTGATGAT TATGTTGATT TCTAAAAAAG 840  
 AATCAAAAAGA AACAAACACAT AAGGACGATG AGTATATTTA TCATTAATAT GTTCATAGCA 900  
 AAAGAAAAAC CATTAAAATG TTAAGTTGTT AATTATTAGA TACAACCAAC ATTTTAATGG 960  
 15 TTTTATTTTT AACTTTGTAG TTCTTGAAT GTTTGAACGA TTAAATAGAC ATTTAAAATA 1020  
 CT 1022

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 911:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 274 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 911:

GGTACTTTAT TTTTATTTTT GGTCTTAGTG ATTTTACAT TATTTACATA TAAAGCGCCT 60  
 AATGGTATGC GTGCCATGGG TAGCATTAGC TAATGCAGCA ATCGCAACAT TTTTAGTGGA 120  
 AGCATTTAAT AAATATGTnG GTGGCGAGTA TTCGGTATTA AATTTTTAGA AGAGCTAGGA 180  
 35 GACGCTGCGG AGGTCTAGGT GGTGTCGCTG CCGCTGGATT AACAGCATTA GCTATCGGTG 240  
 TGTCAACAGT ATATGCATTA GTTATAGCAG CCGC 274

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 912:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 679 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 912:

CTTTAATTGT TCACTTTATC ATTATTATCA ATCAACTCTA TGATATGAAA TTGTGTTAGA 60  
 GATAAATCTA GTTCCTCATT TTCCTTTTTA TACTGTCTTC TTTTATCGGC ATTTTCTCTT 120  
 TCTATAATAA ATTGTTGTAA TTTTAAAATA ACTTCTCTCT TCATATCCAC TATTATTCCT 180

TTGTTGTAAT TAACATATAT TTAAGTTAGTT ATGCACCATT TATTCCGCAT TTCACAAATC 300  
CACCTATAAT ACAAACTATC ATTTTAAATA AGCAGAATTT ACCCTGTCTT CCACACAAAT 360  
5 TGTTTTCGAC ACTTTAATGT GCCTACTATC CAAAAAAGTT ACTCATAACA AATTGCGCAT 420  
TTTAATAAAT GTAGCAATGC CATTTCATG CTGCAAAAAT ACTCGTATTC ATATTTATGT 480  
10 TTTATATTAT TAAAGTTTTT TAAATCCATA TTTTATAAC ACTTGCTATG TGATAAAATT 540  
AATnTTATAT ATAAATCTT AAGATTGAGA TTATTTAATA GCAAAGGAGA TAGTGATATG 600  
GATGTTTTAA CAATAGAACA TTTAACAAAG AAGATAGGCA ACAAACGAT TCTCGAAGAT 660  
15 GTATCATTTA AGCTGAAAC 679

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 913:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 564 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 913:

GCCATCCTTC AGTGCTAATT TTTTCAAATT CTAATGCAGA TGCACCACTA ACCATACCAT 60  
30 ATATAAAGAA AAAGACCACG AAAGnAATAA GTAGTAGTAT AGATGCACAT ATCATAATGA 120  
CATTGGAGTT TTCAGCGCCA AATTTAAATG TCAATGsGAA AATGATAGAG TATGCCCCCTA 180  
TGATACCAA ACTCATTAAC CCTGACATAA TACCAATCAT CACACTTTGG GTCACAATCG 240  
35 TAGTCACAAC TAATCCAATC ATTAAACTTG CACCGAATAA GATTAAATAA AAGGCAAAGT 300  
ATGACTTAAT ATAATCACTA CGTTTAACCG GTAAAGTAGA TACATAATAC ATCCATCTTG 360  
40 AGTCTTTTTT aTGTTTAATA TTATCAGTAA TAGGTGTGAT TAACATAACC CCAGCCATkG 420  
CCGAATCAT CAACGGATTA AATACTGCAA AGTATCCTGC AGCTATAATA GCGACTATAA 480  
AATAAATATA TGTTTGChTT CTCGTTGCAT AAAAATACT TAGGAACATA CCTTTCATTA 540  
45 TACTTCACCT CGCATTATGA TTTT 564

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 914:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 643 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

AAAGAAGAAG CAAGTGCAAA TAATTTAAGT GATATATCAC AAGAGGCACA AGAGGTTCAA 60  
 GAAGCTAAAA AAGAAGCACA AGCAGAGAAA GACAGTGACA CATTAACTAA AGATGCAAGT 120  
 5 GCAGCAAAGG TAGAAGTATC AAAACCAGAG TCACAAGCTG AAAGATTAGC AAACGCTGCA 180  
 AAACAGAAGC AAGCTAAATT AACACCAGGT TCAAAAGAGA GTCAATTAAC TGAAGCGTTA 240  
 10 TTTGCAGAAA AACCAGTTGC TAAAAATGAC TTGAAAGAAA TTCCTCAATT AGTTACTAAA 300  
 AAGAATGATG TATCAGAGAC AGAGACGGTT AATATAGATA ATAAAGACAC TGTTAAACAA 360  
 AAAGAAGCTA AATTTGAAAA TGGTGTATT ACACGTAAAG CTGATGAAAA AACAACTAAT 420  
 15 AATACAGCTG TTGACAAGAA ATCAGGTAAA CAATCTAAAA AAACAACACC TTCAAATAAA 480  
 CGAAATGCAT CAAAAGCATC TACAAATAAA ACTTCAGGTC AGAAAAAGCA ACATAATaAG 540  
 AgATCATCAC mAGGTGcAAA GaAACAAAGT AGTTcmAGta AGTCaACTCA AAAGAATAAT 600  
 20 CAAACTAGTA ATTAAGAnTT CAAAAACAAC AAATGCTAAn TCC 643

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 915:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 915:

AGGTTTAAGG GAAAAATCCT ACCTGGAGAG ATTCAAAAAC TAAATGGACT ATTTCCAAAA 60  
 35 ATAAAGGGCA ATCACATGGT GGTTCCTTATT GGAAGTTAAT AAATAACAAA GGAAAAAGAA 120  
 TAGCTTCTTT AACTAAAGAA GGAAAAATCT TAAGGGAATA AGGTGTTGTA AATTATGTGC 180  
 TTTGATATAA ATAATTTGGA TATAAAAAAG TTGAATTTTA GAAAGGTAAA AAACGCAATT 240  
 40 CATTTAAGTT TAAGTGGCGA TAAATACCAG TTTTGGAGG ACGGTAAAAC TATCAATAAT 300  
 ACTTATTTTT TAGCTGTATA TGATAATGCA ATAAACATTT TTGAAGATTT GTTTtCGCCT 360  
 45 tCTGATTCTA TAAATTTGGn TCATGTAGTA TATGTTTATA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 916:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 50 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

CCCAAAGTTC GATAGTGTAT TAGTATTATC TTAATAAAAT GTTAGGTACA ATAAAGATGA 60  
 TTATATATCG GAGGTTAGTA TAAAAATGTA TGTAGATCGA AAACCATCAC TATATTTAGA 120  
 5 GGATTTGCGA CATGATTTTA AAAATAGTTT AAGTAAATTT GAAAATGGTG ATGAAGCATT 180  
 TGATACGTTA TTAGGTTTCG TAGAGTTAGA TCATATTTAT TCGTCAGCAC TAAAGGAAAT 240  
 10 AAGCACTAAA CTGAGTATTT TAGATGACAA TTTCAATCAC ATTTATAwAC ACAATCCTAT 300  
 ACATCATATG GAGCGACGTG TGAAAGAAAT GCGTAGTTTA ATAGAAAAGC TTAATCGTAA 360  
 AGGATTACAG ATTAGCGCAG AACTGCCAA AGAACATATA 400

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 917:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 20 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 917:

GAAAATTACT ATGAAGATTG CATTAGGATG CGACCATATT GTTACAGATA CAAAATGCG 60  
 TGTATCTGAA TTTTAAAAAT CAAAAGGACA TGATGTCATT GACGTAGGAA CATACGATTT 120  
 30 CACAAGAACA CATTATCCAA TTTTGGTAA AAAAGTTGGC GAACAAGTTG TTAGCGGTAA 180  
 TGCAGACTTA GGTGTTTGTA TTTGTGGAAC AGGTGTTGGT ATTAACAATG CTGTAAATAA 240  
 AGTACCGGCG TTCGTTTCAGC ACTAGTACGT GATATGACAT CAGCGTTATA CGTAAAAGAG 300  
 35 GAATTAAATG CGAACGTTAT TGGCTTCGGT GGACGTATTA TAGGTGAGTT ATTAATGTGC 360  
 GATATTATCG ATGCCATTAT TAATGCTGGA TTATAAACCC 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 918:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1220 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 918:

50 GTCTCCAGCC ATTWCACCAC ACATACCTGT CCATTTACCT TCTTTATGTG ACGCTTCAAT 60  
 AACTTGTTTA ACTAAACGTA AGATTGAAGG GTTATATGGT TGGTATAGAT ATGATACACG 120  
 CTCTGACATA CGGTCAGCAG CTAATGTGTA TTGAATTAAA TCATTTGTAC CGATACTGAA 180

GATTCCTAAT TCTATATCAT CCGAAATGTC ATGACCTTCA TTTTAAAGGT TTTCTTTTTC 300  
 TTCTAATAAT ATAGCTTTAG CTTCTCTAAA TTCGTTAATT GTTGCAACCA TTGGGAACAT 360  
 5 GATATTTAAC TTACCATAAA CTGATGCACG TAATAATGCA CGTAGCTGTG GTCTGAAAAT 420  
 ATCTTGTTCG GCAAGGCATA AACGAATCGC ACGGTAACCT AAGAATGGAT TCATTTCTTC 480  
 10 AGGCAAGTTT AAGTATGATA ATTCTTTATC TCCACCTATA TCTAAAGTAC GTACAACAAC 540  
 ACGTTTACCG CCCATTGCTT CTAATACTTC TTTATAAGCT TCAAATTGTT CTTCTTCTGT 600  
 AGGCATTTGG TCACGACCCA TATATAAAAA CTCAGTTCTA TATAAGCCGA TACCTTGTGC 660  
 15 ACCATTTTCa ATAACACCTG GCAAATCATT AGGTGTACCA ATATTTGCAG CAAGCTCTGC 720  
 GTGAACACCA TCAACTGTAA CAGTATCAGC ATCACGTAGw TTTTGTAATT CTTTCTTGTC 780  
 AGCAAAATAA CGCTCACGTT TATCTTGATA AGCGATTAAC TCATCTTCAG TTGGATTAAC 840  
 20 GATTACATCA CCATTTAATC CATCTACGAT AATCATGTCG CCTTGTTTAA CTTCTTGAGT 900  
 AATTGATTTT GTACCAACAA TTGCTGGaAT TTCTAAAGAA CGACTCATAA TTGCAGAGTG 960  
 25 aCTTGTTCTT CCGCCAATGT TTGTAGCAAA ACCTTGACG AATTCTTTAT TTAATTGAGC 1020  
 AGTATCAGAT GCGGTTAAGT CATTCCCTAC AATAACAACG CTTTCATCAA TCATACTCGG 1080  
 ATTCGGTAAT TCTACACCTA AAATATGTGA TAACACACGT TTAGAAACGT CGCGAATATC 1140  
 30 AGCCGCACGT TCTTTCATGT ATTCGTTATC CATAGATTCA AAAATTGTAA CAAATTGTGT 1200  
 TGTnACATCC GCTTAATGTG 1220

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 919:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 315 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 919:

45 TTAGATTGAC TGCAAATGCC GACTCAAAAG AACAAGCACA ATCATTGATT CAACCTGTTA 60  
 AACAAGAAAT TCTTGATCGT ATTGGAGAAT ATTATTATGG TTCAGATGAC ACATTAATTG 120  
 AGCAAGCTGT AATAAAGAAA ATTCATGAAC CTTTTGTAAT ATATGATGGT ATTACTAATG 180  
 50 GTGCTTTATA TCATCGATTG AAAGAAGTGG ATTTAAACGA TGTTCTAAAG GGTATGATTA 240  
 ATCACAATGA AAACTTTGTT GATATTAATa AACCTATTGA GcAGCAATTA AAAGATGCAG 300  
 TGCAATTTGT TAATA 315  
 55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 433 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 920:

ACTTTGTAAA CCTACAAATG TAATGAATAA TCCTATACCT GCTGAAACAG CCATCTTCAT 60  
 TTGATAAGGA ATTGCATTAA TAATAACTTC CCTAAACCTT GTGACGGTTA ATATCGCAAA 120  
 GAATATACCT GAGAATAAAA CGCCTGTTAA ACCAACTTGC CAAGGAATAC CCATGGTTAA 180  
 CACAACAGTA AATGCAAAGA ATGCATTTAA TCCCATACCT GGTGcTAACG CAATTGGATA 240  
 TTTAGCTATT AGCCCCATGA ATAGCGAGCC TACAAATGCT GCTAATGCAG TCGCTACAAA 300  
 AATGGCACCT TGGTCCATTT TCATATCTTC TGATACGCCT TTAACACCTG CTAAACTTAA 360  
 AACTTGCGGG TTAAGTCTA AAATATAGGC CATAGATAAG AAAGTTGTGA TACCGCCTAA 420  
 GATTTCTCTT TTA 433

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 921:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 439 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 921:

CTATTTTATT TGTATAGCGC TTGATGTAAA GTTATTTTAG CTGTCATACT ATGTGCTAAA 60  
 CCAAATTCAG TTGTGTCATA TCTTCGCTTT TTTGTCACCTG TTATAATAGG TATAATCGGA 120  
 TATAATGAAA AGGkGAGGGA GGATTCAAAA TCGTAGGTT ATTATATTCA TTTCTTTTTT 180  
 ATATGATCAT AGGTTTATTT AGTGGCTTTT TCTATAGAGA GCTAACAAAA GCATATGATT 240  
 TTAAGGTGAC AACACAATTA TCACCTGTAC ACACACATAC ACTTATTTTA GGTATGTTTA 300  
 TGkTTTAAAT ATTATTACCA TTGGaGAmGT TATTTAAATT ATCAAGTTAC TACTTATTTA 360  
 ACTGGtCTTC TATGTATATA ACATAGGTGT TATCGTTACT ATAGGTATGA TGGTGACAAA 420  
 AGGATTCTTC CAAGTCACT 439

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 922:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 474 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 922:

	GTAATATCTA TATACGTATA TTTAAATGAT ATATCTGGGT ATTTTCTTTT TAATAGCGGC	60
10	TGTAGCCAGT CATAAATATC TtTCGaTGTT GGCGCATTAA CGCAACTTGC ACATATAACA	120
	TCTGCCCCAT AAAC TACCAC ACTCACGTGC TCCATATATT TATCCCCCAT TGGTTTGATA	180
	GATTTTATT ACAC TATCTA TTATAATATA sTmATAAAGA TTATCAAATT CATCTCTCGA	240
15	AAGGAGACTT GCCTGATGCC TACTGAAGAT ACAACGATGT TTGATCAAGT AGCAGAAGTT	300
	ATTGAACGTC TTCGTCCATT TTTATTACGT GATGGTGGCG ACTGmTCATT GATTGACGTG	360
	GAAGACGGTA TTGTAAATTA CAATTACATG GTGCATGGTG GnACATGCCC CAAGTTCTAC	420
20	AATCACTCTT AAAAGCTGGG TATTGAGCCG TGCATTACAC GAAGAAGTGC CTGG	474

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 923:

25	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 554 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 923:

	TCAACTTG TG AAGAAAATTT ATTAAC TTTA GTAAC TCTTC CAACAAAACC TTGTGATGTC	60
35	ATCACAGCCA TATTTGAAGT TATACCTGAT TTAGATCCCT TATCAATTAC AATTGTATTC	120
	ATCCACTGAT CCGGATTTCT TGCCAAAACC GTAGTAGAAA TAGGATCAAA TTTTGAAATA	180
40	TCTTTTAAAT CAAGCTCTTT TTTTAATTTT TCATTTTCCG CTTCTAATTG TTGGTTCTTA	240
	GATTCTAACT GGCTAATCTT ATTTT TAGAT TCTTTAGAAT CTCCTTTTTT AAAAAAGTCC	300
	CCAATCGTAC CAGCAACAAA ATTAAC TGGTA TAACTCACAA CTCGTTGTCC AAAAGACACA	360
45	GAATCACCTA TATATTGTTT AGGAGGTGAT TGAGATTGTG AACGTATGGA CAGCCCAATT	420
	AATGCAATAA AAACGATAAT TGCACATAAA ACAACAATTA ATTTGGTATT TTTAAAAAAC	480
	TTAAGCACCC AGAACACCTC TATTATGTCA nAATATTGTA TATCCTTTTC TAATTnATAT	540
50	TACTCCCATT ATGA	554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 924:

55	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 575 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 924:

ATCTTTAGGC ATTAAGCAAG TTTATGTAGA AGACTTTGAA CATAAATCCT TTAGCAAAGC 60  
 10 TAAAAAAGCC TTAGAAGAAA AAGGGTTTAA AGTTGAAAGT AAGGAAGAGT ATAGTGACnA 120  
 TATTGATGAG GGTGATGTGA TTTCTCAATC TCCTAAAGGA AAATCAGTAG ATGAGGGGTC 180  
 AACGATTTCA TTTGTTGTTT CTAAAGGTAA AAAAAGTGAC TCATCAGATG TCAAAACGAC 240  
 15 AACTGAATCG GTAGATGTAC CATACTACTGG TAAAAATGAT AAGTCACAAA AAGTTAAAGT 300  
 TTATATTAAA GATAAAGATA ATGACGGTTC AACTGAAAAA GGTAGTTTCG ATATTACTAG 360  
 TGATCAACGT ATAGACATTC CTTTAAGAAT TGAAAAAGGA AAAACAGCAA GTTATATTGT 420  
 20 TAAAGTTGAC GGTAAGACTG TAGCTGAAAA AGAAGTCAGC TATGATGATG TATAAATATA 480  
 ATTGAAGTAA ATGTACCGAG GTTCTATTTT GGAAGTCTCG GTATTTTAT GTTGGAGATT 540  
 25 GCGGTAGTTT TAAATGCnT CnTGTCnTCA TATAC 575

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 925:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 307 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 925:

AAAAACGCTG CTGAGTTTAA AAAGCAACAA TTAAATGAAC AAGGTATTTT CAAGAAACCA 60  
 GTGATTACAC CTATTAAACC ATATAAAAAT TTCTATCCAG CTGAAGACTA CCATCAAGAT 120  
 40 TATnACAAAA AGAACCCCGG TACATTATTA CCAATATCAC CGTGGGTCAG GTAGAAAAnc 180  
 GTTTATAGAT CnCATTGGGG GGATCCAAAG CTTAAAAAGA TAAAAGTGAC TACCAGATAT 240  
 45 AGATATATTG TTACACAAGA AACGGCACTG GACCACCATT TATGAATGAT ATTGGACCAT 300  
 TTGCTAA 307

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 926:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 926:

5 CTCTACGCAC TCATTTCAGAT ACACACATTG CGCATTGCTC ATAGAATCAG GTGTACACAT 60  
TAAAGAAATA CAAGAAcGAT TACGGCATAA AGATATCAAT ACCACTATGA ATATCTATGC 120  
TAAAATCACA AATTCATACA AAAAAGACGC CTCCCATAG TTTAGTCACC AAATGGAAGA 180  
10 CGTCTCGTAA TTAAATATA TTTGCGTGCA TTCTAATTTA TACTTAGAAT GAATCATACT 240  
CGTGCATAAT GTAATTTTCT AGTTAGTCAA AACTATAAAC AGTTTACAT CATTCTGGC 300  
ATGCCACCCA TGTTAGGTTG GTCATTATTT TTTTCTGGAA TTGATGCTAC AACCGCTTCA 360  
15 GTCGTTAAGG ACATTGCTGC AACACTTGCA GCAGTTGnAA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 927:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 809 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 927:

TTTAGGTGGT TTTAATnGTT ATGGTCATTC TGGACACCTA CTTATAATAA AATTTCAAAT 60  
30 CAAACTGAAC nTTTTGTACC GTTTGATTAA ACTCAAATTT ATTAGCTCCG TATTTAAATT 120  
TTGGTTGGGC TATATTGTT TCGGTACTTA TTTCAACACC GTTTTTATAA ACTCGGAAGC 180  
TATCATAAAC AATTcTGCT CCAGCTTTTA GTTTGATCCC TTCGATTTTC ATTATTTTCA 240  
35 CATGCGTTAA ATTCCATACA AACGATTCTG TATCTTCGCC TAAAATAATT GTTATCTTTT 300  
TATACATGTT GAATTGGTCG TTAGGAGCAC TACCATGATA GTAAACTGTA CCTTTGCTCA 360  
AATTTTCAAA TGTATACTTT CTTTTGTCTC CGCCTGCATG CCAATCAATA TTAAATCAA 420  
40 ACGACCACAA TCCAACCTTT TTGTTTTCTT CTAACCTAG GCTTGTTCCA ATACTTTCAC 480  
CGTATGGTAA TTCTGTAGTT TCGAATTTTA GTTCAAAGA AACTTTATTA CCTTTTGT 540  
TAGGGTTTAT AACTCCGTTA AAAATAACTT TATACTGTTT ACCATTTACA TAAATTTGTT 600  
45 GATCGTGTCT TGAATATTCG TAATCCGGGA AGTTGTTTTT ATCTAATTC ACGTAATCAT 660  
CAGAAGTTGG TTGAGTAAAC CTGTAATTCA ACTCTCTTT TCTTCTGATn TCTCGCAAAT 720  
50 ACATAGGTTT TATGTCTGTC GTTAACGAAT ACAACATATC TCGCATATAA GCAATGTCTG 780  
AACGATTTTT AACTTTACAA AAACAAGGA 809

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 928:

55

(A) LENGTH: 1016 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 928:

10 nAAAACTATT ATCGCATCTA CaGTaATCGC TGCAGGTCTT TTAActCAAA CTAATGATGC 60  
 TAAAGCTTTC TTTAGTTATG AATGGAAAGG TTTAGAAATC GCAAAAAATT TAGCAGATCA 120  
 AGCTAAAAAG GACGATGAAC GTATTGATAA GTTAATGAAA GAGTCTGATA AAAATCTAAC 180  
 15 TCCTTACAAA GCTGAAACTG TTAATGATCT GTACCTTATT GTTAAAAAAT TAAGcCAAGG 240  
 TGATGTGAAG AAAGCAGTTG TCAGAATTAA AGATGGTGGT CCTAGAGATT ACTATACTTT 300  
 TGACTTAACT CGTCCTTTAG AAGAGAACAG AAAAAATATT AAAGTTGTTA AAAACGGTGA 360  
 20 AATCGACTCG ATTACTTGGT ATTAAAAAAC ATACTGAATT AAATAGTTGT ACGCCAAACG 420  
 TTAGAAAACA ATGCTAACGT ATTGGCGTGC TTTTTTATTT TAAGTAACTT CCAATTTATT 480  
 TAGCATCTTT ACGACTGTTT AATAAAGCAC GTATGATTAA CACGGTTGCC ACTATATCCG 540  
 25 TTACAATTTT TATGATTGTT AATACATTCG ATTTCTTTT CACAATAGCC ACCTCGCTTG 600  
 TTCAAAACAT AAACAACAT TGCATTCAC TTTAAGTAAT TATTTATATT ATTTATCCCA 660  
 30 ATAAGCTCAC CATTCAAATA AACACAATAT TATAAAATAA TTATACCTTT GGATATAGCA 720  
 AAAAGCCACA CTCTATAGCA TGGCTTCTAT CAATTATTTT AAAGTATTAT ATTTTAAAC 780  
 TAGATCGATT TGTCTTTGTA ATTTTTCCTT TTCATAACTG TGTGGAAAT GAATTAAATT 840  
 35 AACAGCTCTT TGTGCTTTAC GGTGTGTTGC AACAGTCTT GTACGTTTGA AAAAGTTTAC 900  
 AGCTTTTTGT GCATCCACAA CTTTTttATT TACTTGwTTT kTAAAGTTTG TTGATACTGA 960  
 TCATATTTTT TAGCAGCTTC ACCGTTnTTA GTTGTGCATG AGATCACCGG CAACCG 1016

40

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 929:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 929:

50

AAATGAAATC ATACCTAAAA GAGATATTAT TACAGAATCA ATGATTTGTG ACTGTATTCA 60  
 AAATGCAGGT ATTGATTTAG AAGTATTTAA AGACGACTTA CAAAAAGTA AACTAACCGA 120

55

CGTTTTCTTT AGTGAAGATG TTCATGAAGA AGGTTTAAAA GTCGAAGGAT TATACCCATA 240  
 TCACATCTAT ACTTATATAA TTAATGAATT GATGGGTAAA CCTATCGAAA AGAATCTTCC 300  
 5 TCCTAAATTA GAAACTTATA TACAGCAACA ACAACTTGTA ACGATGGAAG AATTACTTAC 360  
 TATTTATGAA TGGCCAGAAA AACTTTTAAA CAAAGAGTTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 930:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 930:

20 TATTTCTGAC ATGTATCATG CTCCTTCGTG CTTTATTCTA ATGTAATATA CACAATTATA 60  
 CATTGAAATT CAAATTTGTG AACACATTGT GAACTGACAT AAATTATACA CAATTTTATA 120  
 GCGCATAATG TTTTAAAAAT ACACATTATA GCAATTATAA TTAAGTTCAT TGTGTTGTCA 180  
 25 TCAAAAAAAG AAAAAGGTGA TGTTTTAAAT GGATACAGTT GAATCAGTCG GTTTTTGACA 240  
 GCATGACTTA GCAGTTCATA TCATTTTGCA ACGATGGTGT GGTATGCTTA ATGTCGCAAT 300  
 TCAGATTTTA GGATCGCAAA ATGACTCATA TATAGCATGC CAAGTGGCAA GTATCATACG 360  
 30 ACATGGnGTG TCAGGCATAn GGCTCATACT GTGCAATATG 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 931:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 543 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 931:

CCAATCAATG TTGCCAATGG ATCACCTAAT GACAACCAAG TAATTGCTAC CATAGTAACT 60  
 45 GCTGTTTTAA TTTTACCTAA TTGACCAGCT GCACTTACGA ATCCTTGTTT AATTTGTAGT 120  
 AAACGTAAAC CAGTTACGGC AAATTcTCTG GCAATaATAA TGATTGCTAC TACAGAATTT 180  
 GTTAGTCCTA GTTGCAACAAG TACAATTAAA GCACTTGCAA CTAATAATTT ATCCGCTAAT 240  
 50 GGATCCAAAA ATTTCCCCAT ATTTGTAAGT AAATTCCATT TTCTAGCTAA ATAACCATCA 300  
 ACAAATCGC TAAGGGAAGC CAATATAAAA ATAAAACCAC TGATTAATAA CTCAATTCTT 360

ATAAAACTG GTATTAACAC TACTCTAAAA ACCGTAATCT GGTTCGGAAT ATTCATTATA 480  
 CATCCTCATT TCTCACTAAT TTATTTCTGT TAAAAATATT AAAACTAACC ATGATCCATA 540  
 5 ACC 543

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 932:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 932:

GATTGCGAAT GAGATTAGTG GGATGATACC GGTAGAATGG GAGCAAGTAT TTACAATAGC 60  
 20 TTATGTAACT GATCAAGCTG GAGAAGTCAT CTTTAATTAT ACTAAACCAG ATAGTGATGA 120  
 ATTAAATTAT TATTCAGmCA TACCTAAAGA TTGCAATGTC TCAAAAGATA TTTTAAAGAA 180  
 TTCATGGTTT AAAGTTTATC GAATGTTTGA TGAGTTAAGA GAAACTTTTA AAGAAGAAGG 240  
 25 GCTTGAACCA TGGACATCAT GCGAATTTGA CTTTACAAGA GATGGCAAAT TGAATGTATC 300  
 TTTTGATTAT ATAGATTGGA TAAATACAGA GTTTGATCAA TTGGGCCGTC AAAATTATTA 360  
 TATGTACAAA AAATTTGGGG TTATACCAGA AATGGAATAT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 933:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 759 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 933:

ATTTTACAA AGAAATAGTA GTCTTATATA TCTTAACATT TAATAACTAA ATCAAACATA 60  
 TTTTGAGCCT TTTTTGAAA ATTAACATTT TAACCTTTTT GATTTTACAA CAAATTATAG 120  
 45 CTACGTATTG AAAATTAAAG CmTTGGtTTA AGTGTGTGT TAAAAgyTTT TATGTTTAGA 180  
 TTGTTATATT ACTATGTATT CTTAAATTTG TTTAAAAAAT TAATGCTTTA AATTGATGTA 240  
 TAATGGGAAT AAGAAATAAA TAAAAACGAC CCGCACGATT AACGTACGGG TCCACTACTA 300  
 50 AAGGGAGTCA AATTTTTACC TcGTTTGTAT CATGCAGCGT TTTACACATA CTTTTAAGAG 360  
 ATGTTTATTC GTTATCGAAG GTACACCTTT ATTATAACTT ATATCATTTT TATTAAAATA 420

ATAATGATTA TTAAATAGTA ACTAAATACA AAATTACATG GGGTGAATGA TAATGAAACA 540  
 ATACTTAATT ACTGGTGGGA CTGGTATGGT TGGATCTCAA TTAGTTAATG AAATTAAAAA 600  
 5 ATCAGATTCA CATATCACGA TATTAACGCG ACACGACCAA ATTTCAAATG ATAAGAAAAT 660  
 TTCATATGTC AACTGGGCTA AATCTGGGTG GGAACACAAA GTTCCTCAA ATATCGATGT 720  
 GGTCATCAAC TTAGCAGGTG CTACATTGAA TAAACGATG 759

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 934:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 934:

GATCAAGCTG GGAAGTCAT TTTTAATTAT ACTAAACCAG GTAGTGATGA ATTAAATTAT 60  
 TATTCAGACA TACCTAAAGA TTGCAATGTC TCAAAAGATA TTTTAAAGAA TTCATGGTTT 120  
 25 AAAGTTTATC GAATGTTTGA TGAGTTAAGA GAACTTTTA AAGAAGAAGA GCTTGAACCA 180  
 TGGACATCAT GCGAATTTGA CTTTACAAGA GATGGCAAAT TGAATGTATC TTTTGATTAT 240  
 ATTGATTGGG TGAATTCAGA ATTTGGACCA ATGGGAAGAG ACCATTATTA TATGTATAAA 300  
 30 AAATTTGGnA TTTGGCCTGA AAAAGAATAT GCCATAAATT GGGTTGnAAA AATAAAGnTT 360  
 ATGTTAAGAG CAAGnTTGAG CTGAACTATA GGGGAGATAA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 935:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 345 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 935:

CTGAATATAA TTTTnCAAC TACATCTCGT TTATTAGACA CCGTGCACTG ACTAAGAAAA 60  
 TTTCTCTTGA CTCCATTAGT CCTGACGAAT ACTAACATTT AACTACCTTG CTCATCGATA 120  
 GAAACAACCTT GTAATGTTAA TTTCCCTTAT TTTCTTAGTT TTAATCTATC AGCGATTAAT 180  
 50 TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA TAACTTGAC CGCGGTACAC CTAACGCTCG 240  
 AAATATGATT TnTATCGTC ATAATCTAAA ATATTATnGG CAAAATCACA GCAGTTTTCA 300

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 936:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 619 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 936:

GTTATCATCA TCTTCTGAAG TATCATCTTG CCCATCGACT TGACTTGCAT CAGTTCTCTT 60  
 TAAATCATCA AACTCTGGAC TAGCTAATGT ATTATATAGT GTTTTAGGTA AGTAATAATA 120  
 TTCGTTTAGC ATATCTTCTT TTAAAATATC ATCTACTTGA TACATAATTC TTTGAGCCAG 180  
 ATACATATTA TCTTCAGAAT TTTGATTTTG GAAAAAATTA GGTAAATATA AGAACATATT 240  
 TACTAAAATA TCATCTAAAT CTGAATGTAT AGATGGTATA TCAAAGAAAT CTTGGCTTAA 300  
 AAATGCATGT TCTAAATACA AAAATAATAA ATCTGTATAT TGTGTTTTAG TACGATACAC 360  
 TTTAATTTGA GATTCCGTAT ATGATATACG TGTATCTAAG CGAAGATCAA TTAATTTAGC 420  
 AGTACTTGGG CGCTCAACTT TAATAGAATT TAATACGCGC ATATCTTCTA ATAATTTAAA 480  
 AAGTTGTTGG ATAAAATTTA GGGtGTTTAA AAGTTTTATC TTGtACTACT TCATTTACAA 540  
 TTTGtACATC CaTCATATGA TAACCGTAAG CAGCTAACAT AACATCTGTT TTAAACCAG 600  
 CCATTTTCGAT ATGGCTTGG 619

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 937:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 615 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 937:

TAATCCCTTT CATAATGGGC ATCAATATCA TATTAATCAA TCTAAAAAAC TTACAAATGC 60  
 TGACGTTACT ATTGCAATAA TGAGTGGTAA CTTTGTCTATG CGTGGCGAAC CAGCAATCTA 120  
 TAATAAGTTT ACTCGTGCAA AAATGGCATT ATCAACAGCT GATTTAGTTA TCGAACTACC 180  
 AGCAACTGCC AGTTTATCAT CTGGcGATCA TTTTGCCGAA CTAGCAGTTA AAGTCGcNGA 240  
 TTATATGAGT GTCGATACAA TTGCATTTGG TAGTGAAAT AATGAtATCA AAACATTAAA 300  
 rCmATTAgCA CACAGCATTA ATGaAATTGA mCAATCTGaA TCCTTTTCAC aAAAAGTrAA 360

AAGTCCTAAC AACATACTTG GTATTAGTTA CCTGAAAGCA ATTGCTAAAA ATGCTAAAA 480  
 CATCAATGCA ATTTCTATCA AACGAGAAAA TGCTCAACAT CATGATTCAT TAATTCAACA 540  
 5 CCATCAGTTT GCAAGTGGTA CATCTATTAG AACATCAATC ATTAGTCAAG ATGATCATTG 600  
 GCATCATGTG GTACC 615

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 938:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 938:

20 AGAATTGAAG ATGGTAAAGT TTCAAATAT CATTCCGGTTA TCATAAAAGA CGCACAAGCA 60  
 ACTTCACCAT ATTCAATTTT TATCAGAGGT GCTATTTATC GCTTTGAACC ATTAGTATAA 120  
 ATATACGTAA GTGCTATGAG CGAGAATGCC CATATGAATA ATGACAAGCA CAATGGAAAG 180  
 25 AATCGTAATA TATTATTTAA TCGTGATGCT TAATTAAAT GAAAAAGATT GATAATATAA 240  
 ATGTGAAAAA GTAAGTATAC CCGTAAACTA AAGTATTCAC GGTGAGAGGT GCTCATGTCA 300  
 TAATGATGCA CGTGTCATAA TTATAATAGC TTAAATATGT CCATACAACA CCATGTAGAT 360  
 30 ATGCATATAC AGGGTATGAT AGACATAGnG TCTGnGAAAT 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 939:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 35 (A) LENGTH: 466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 939:

GTACAGGTAT GATTGGTGAT CCCATCAGGT AAATCAGAAG AACGTGTGCT ACAAACAGAA 60  
 45 GAACAAGTAG ATAAAAATAT CGAAGGTATT AGTAAGCAAA TGCACAATAT TTTTGAATTT 120  
 GGAACAGACC ATGGTGCACT GCTTGTTAAT AATAGAGACT GGTTAGGACA AATCTCATTA 180  
 ATTAGTTTTT TACGTGACTA TGGTAAACAC GTCGGCGTTA ATTACATGTT AGGTAAAGAT 240  
 50 TCAATCCAAA GTCGTTTAGA ACATGGTATT TCATATACAG AATTCACATA CACGATTTTA 300  
 CAAGCTATTG ATCTCGGTCA TTTGAATAGA GAATTGAATT GTAAGATTCA AGTAGGTGGA 360

GTAGATAAGC AAATGATTAA TAGTTGAGGG GTATGTCGAT GAAGCG

466

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 940:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 329 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 940:

ATGAATCACC	CATTGATACC	AATCATTTAC	ATCACTGTCA	TACGAACATA	TATTTAAATA	60
GAAAAAATT	ATTTTAAAGA	TTATAACTAC	TCTTAATCAT	TTTAGTGAAT	TAAAAAAGT	120
AGTGCAAAAA	GCAAAATATA	CTTTATACAC	TACAAATCAT	TTATTTATAA	TAAAGTTTCA	180
CCAAAAAATG	TTCCAATAA	TGAAACCGCT	TGTTCAAGCAG	TATGATTATn	ACTGTCAATC	240
AATGGATTTA	CTTCAACTAA	ATCCATTGAG	GAAATTAAAT	GTGATTGATG	CAGTAATTCC	300
AATGCnAAAT	GGCTTTCTCT	ATnACTAAG				329

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 941:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 315 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 941:

CGATATAGTA	CCAATTTATT	TGAAGAAAAA	TCCGAAC TTC	AAATTTCCGA	TGAAGCAAGA	60
TATACCGGTT	ATTATGATTG	GACCAGGTAC	TGGAATTGCT	CCTTTTAGAG	CATATTTACA	120
AGAACGTGAA	GAAC TTGGTA	TGACTGGAAA	AACATGGTTG	TTCTTTGGTG	ATCAACACCG	180
TAGTTCTGAC	TTTTTATATG	AAGAAGAAAT	AGAAGAATGG	CnTGAAAATG	GAAACTAACA	240
CGCGTAGATT	AGCATTTCCA	AGAGnCCAGA	CACAAGATAT	GACAGCCnCG	ATATGGAGAA	300
GTAACGTTCC	ATGAT					315

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 942:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 699 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 942:

TACCAATAAT CAACTTGTTT TACATCATCG TGTGTTTCAA TCACTTTCCT TTTTATACCT 60  
 5 TTCTTACCTT TAAAGAATGC ATCAACATCT TTTATTGAAG ATCCTTTTGA ATCTTTAGTA 120  
 AATCTATAAT CTGCAAGTTC CACTTTACCC ATTAATTCTT TGTAATCTTT CCATCCTTGA 180  
 ATCCCTTTAC TATTCGTAAA CGACTTTTCT GTCATTAATG GATCCAACCTT ATCAAGAGAT 240  
 10 GGCGCATCTT TAATTCCTTT CATTTTCTTC TCTATTTCTT CATATTTCTC TAAATCTGGA 300  
 TCTTTCTCTT CTTCGGATTC TTTTTTTACA GTTCTTGTT TTGATTCTTC TGATTTCTTT 360  
 GATGATAATT TATGATTCCC ACCAAAAGAA CAACCTGCTA CGACTAAAAG CATAATTAAA 420  
 15 AGTAAACATC CCAGTGTCTT TTTCATAAAC TTTCTCCTCT TAAGTTATTT TGTTTGAATC 480  
 AAATAAACAT ACATAAATTT AAAAACTTA TTTATATTGa TATTTTACAT TAACCATCAA 540  
 20 TATTTTTTAAA TACTTTAAWT GaTAATTTAA GAAAATTGTT TTGTCTAATA ATTTAAGTAG 600  
 TTAAACATA GATAGATATA AAATAGTTTA TAGCCATTAA TTTATAAGTT TAAAATTCGC 660  
 ACTATTTCAA TTGCCATTT AAAAATAGTT TGTTTAATC 699

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 943:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 30 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 943:

CGCTCCATAA ATCAACAATG TTCGAGTCTG TAATCTAGAT GATAAAACGC CAAGAATGAT 60  
 35 CATAAATGGC ACTTCTAAAc CAGCACATAA ACTAGCTAAA TAACCGACAT GTTGTTCAAT 120  
 40 TTCTTTTAAA TAATCAGTAA CAAATAAAGG CATATTCATC GTATACATCC ATTGTCCAAT 180  
 GTGTAATAAA ATAAATGCAA TAAATGGTAA TAAAAGCGTT TTGTCTTTAA ACATATTAGG 240  
 AGCAATTTTT TCAACATGTT GTTGCGTACT AATAGGGTGT TTAATGTTTA AATCCTTATA 300  
 45 GAnAAACACT TGAAGTACTA AAGTAAATAA AATGATACTT ATTGGGCCAC CAAACAATCC 360  
 AGCATAGCCT TTTAATCCGA TTAATTGGGC ACCAATAAAT 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 944:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 570 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 55 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 944:

5 AAGATGACAA TACTTTGTTT CAAGAATTGA AAAAAGAATT AGAACAATGG GATTTTAATG 60  
 TTGCTGGTAT TGAAGATTTT GCCAAAGTAA TGGATACATT TGAAAGTTTT AATCCTGAAA 120  
 TTGTTATATT GGATGTTCAA TTACCTAmAT ATGATGGGTT TTATTGGTGC AGAAAAATGA 180  
 10 GAGAAGTTTC CAACGTACCA ATATTATTTT TATCATCTCG TGATAATCCA ATGGATCAAG 240  
 TGATGAGTAT GGAACCTGGC GCAGATGATT ATATGCAAAA ACCGTTCTAT ACCAATGTAT 300  
 TAATTGCTAA ATTACAAGCG ATTTATCGTC GTGTCTATGA GTTTACAGCT GAAGAAAAAC 360  
 15 GTACATTGAC TTGGCAAGAT GCTGTCGTTG ATCTATCAAA AGATAGTATA CAAAAAGGTG 420  
 ATCAGACGAT TTTCTGTCC AAAACAGAAA TGATTATATT AGAAATTCTT ATTACCAAAA 480  
 20 AAAATCAAAT CGTTTCGAGA GATACAATTA TCACTGCATT ATGGGATGAT GAAGCATTTG 540  
 TTAGTGATAA TACGTTAACA GTAAATGTGA 570

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 945:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1241 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 945:

CCGAGnCCAC CGTTCCAAAG TCCATTTTTA TCCCCATCCC TCTCTGAATT GAACTATAAT 60  
 35 TTTTGAATTT ATTAATAATG CTATTTTnT TATTTTATCA AAAACTGATT ACAAATACAC 120  
 ATAGAAAATG AAATATATTT TTCTTTGACT ATACATAACT GTTATTTCTT TGGATATTTA 180  
 40 TATTAAATGC ATTGGTAGTA GTTGTAGCGC ATTAATGTTT GACGGTGTAT AGTATTAATT 240  
 ATATTGAAAG TTAGTTGGAA GTTGATAGTA GGAGTGGGAG CATTGAAGCG ATTTGTGGCG 300  
 ACGGTATTAT TATTACTAGT CTTTATATCA GGaTGtGGTA ATGrTaAATA TGTGAAAGAA 360  
 45 ATaGATGAAG CAGTTAAAaT TCAAAATCaA AAACAAGAAC ACTTGCCCAA AAAAGGCAAC 420  
 GGTGATCGTG TTGATCATTT TGAACGCAAA GATGCTAATA TTTATGTCTA TGATAAGGAT 480  
 AAAATTATCA TTTTAGCTTA TAAACCTTTG AGTAATGATG ATGAAGTGCA TTATTATGCA 540  
 50 TATGATTTTA GTGATAAACG TGTATCATAT AAGCAAGATT TTGATTGAG ACGATATTAT 600  
 CAACAACATG ATGCGGATTA TCATGAAGAA AATATGACGA ACTAGATATG AATAGGAGTT 660

55

GGTAAAAAAG AATCAGCAAC GACATCTTCG AAAAACGGCA AACCATTAGT TGTCGTATAT 780  
 GGCGACTATA AATGTCCTTA TTGTAAAGAA TTAGATGAAA AAGTCATGCC AAAGTTGCGT 840  
 5 AAAAATTATA TAGATAATCA CAAAGTGGAA TACCAATTTG TCAATTTAGC TTTCTTAGGT 900  
 AAAGACTCAA TTGTTGGTTC GCGTGCAGT CATGCAGTAT TGATGTATGC ACCTAAATCA 960  
 TTTT TAGATT TTCAAAGCA ATTATTTGCT GCCCAGCAAG ATGAAAATAA AGAATGGTTA 1020  
 10 ACAAAAAGAAC TATTAGATAA ACATATTAAA CAACTGCATT TAGATAAAGA GACGGAAAAT 1080  
 AAAATTATAA AAGATTACAA GACAAAAGAT AGCAAGTCTT GGAAAGCTGC AGAGAAAGAT 1140  
 AAAAAAATAG CGAAAGATAA TCATATAAAa aCGACACCAA CTGCATTTAT TAATGGCGAG 1200  
 15 AAAGTTGAGA TCCATATGAT TATGAAAGTT ATGAGAAGTT A 1241

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 946:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1057 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 946:

TAATACAATG ACACCATTTA GCATGACCGT TATCCCTGTA ATTCAGCTGA TATTATCTGT 60  
 30 TGCAATTTTA TGTGACGAAC TGTGCACTT AATTGATAA ATCAACAAAT ACAAAAAATC 120  
 TAAGTTGAAC AATTATGATA CAACCGTGCA AACGATATGT AGTATAACTT GTCAACTTAG 180  
 ACTTATTGAT AAATATATTA ATAGTGGTTT ACCATAGCAG GAGATTTTAC aTCAAAATTT 240  
 35 TGAAGTAGCG TATCaATCTT TGaATCaTCa ATATATACCT TATGTAAATT TTTCaTATAC 300  
 ATCGAATGAG AAAGTGCTTC aTAATTTAAT GAAAAAGATA TATGATCTCC AACTTGATAG 360  
 40 TGTCCTTGAC CATTTAAATC AAGCATTAAA TGATCACTCG AAGCGCCTAA AATATTGATA 420  
 TGCTGATCCA TAGGTGAAAT ATTATCGACT TTTGTaYCTA AATAACCAAT ATCTACAATA 480  
 GCTTGTAAGA ATGATTCATG CGTTTGTGTA TTAACGAG GTTTAATTTT TAAAATCTCA 540  
 45 GCCTCCAATG TAATCGCATC TTGATATAAC ATAGCGATCG CTTGATTTGT CGTTGTATCA 600  
 ACACCTCTAA ACAACGTTTC ACCTATTCGC AATTCATTTA TTTTACCCAA ATCATTATAT 660  
 AAAAGTTGTG GTAACATGCT CGAATTACCA CCTGAAATAA TTTTCAATCG ATATCCTATT 720  
 50 TCTCTTTCAA CAGCTGAGAC GAATCGATTA ATCATAAAGA TATCATCATC ACTTGGCGCA 780  
 TCAGATTTAA AACACATAAA ATTGAATGCT AAACCTACAA AATGGATATT TTTCAAGTGA 840

CAATCTACCA TTAATAAAAT CTTATGTTTT TTTCTAAAA CTTCTGgCTA CTTCAATTTAT 960  
 TTGATGTATG GGTAGATAAT TCCGGTTTGG GATACCTCCA TATCnAACCT TTTTTCCTAA 1020  
 5 TCAATATCCT GGAAAAhCCC TTTTTTTGGG CAGGGCG 1057

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 947:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 649 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 947:

GATATCCGCT CGATGAATAT ACCTTTAAAG GTGTTGGTGC AAATTCTGAA CAATTAAGTG 60  
 20 CTATGAATCA TGATTCTTTA AAAAAGGAGT ACATTTCAAA TGACTGTAA ATATAATCAA 120  
 AATGGCGAAT TAACAATGGA TGGTATTAGT TTA AAAACGA TTGCACAAAG CTTTGGTACA 180  
 CCTACCATTG TTTATGATGA ACTACAAATT aGAGAACAGA TGCGCCGTTA CCATCGCGCA 240  
 25 TTTAAAGATA GTGGATTAAA ATACAATATT TCATACGCCT CAAAGGCATT TACTTGCAAT 300  
 CAAATGGTCA AACTTGTAGC TGAGGAAGAT TTACAGTTAG ATGTTGTTTC TGAAGGTGAA 360  
 TTATATACAG CTTTAGAAGC AGGTTTGTAA CCGAGTCGCA TCCATTTCCTA TGGTAACAAT 420  
 30 AAAACGAAAC ATGAAATTAG GTATGCTTTA GAATAATA TCGGTTATTT TGTATAGAT 480  
 TCATTAGAAG AAATTGAATT rATAGACCGC TATGCTrATG ATACGGTTCA AGTTGTATtA 540  
 CcGAGTTAAT CCcAGGTGgT TGrAAGCcAC mTrCaCaCgA aTTTATTCaA ACyGGGcaaG 600  
 35 AAgGATAGGT TAAAGTTTTG GGATTAAhCC nnTTTCCCAT TAATGGGCC 649

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 948:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 472 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 948:

TACAAAGCTT AAAACAGAG CTTAGTyTCG TTGAACCATT AATTAGCCGC TTAGAATTAG 60  
 50 AAGAAGCTAA TGATAAACTA GCTAATATCA ATGATAAGTT AGATGACATG TATGATTTAA 120  
 TTGAACATGA AGTTAAAGCT AAAAATGATG TCGAAGAAAC AAAAGATATC aTTACGGATA 180

AAAACTACTA TATAAATGAA TCTGATGCTC AGAGTGTTTCG TCAATTTGaa AATGrAATTC 300  
 aaAGTTTAAT TTCTGTATAT GATGATATTT TAAAAGAnAT GTCTAAATCT GCTGTGCGAT 360  
 5 ATAGCGAGGT TCAGGATAAT TTACAATATT TAGAAGATCA TGTACAGTT ATTAATGACC 420  
 AACAAGAAAA GCTACAAAAT CATCTGATTC AATTGCGTGA AGATGnGCAG AA 472

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 949:

- 10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 949:

20 AGAGGATCCC AGGCGTTTGT TGATCCAGCA GCCGATnCAG AATACATCTT CTATGCATAT 60  
 AAACGTTTCA ATTTCGAATT GAAAGATCCA AACTTCACTA GTGAAGAAAA TATGTTTAAA 120  
 GATGTATCAG ACAAACCATT AATACCTGCT CGTAAAGCTC AAATTACAAA TGCGAACTAT 180  
 25 AAACGACATG GTATGAAGTT GATGATTCTT GGAATGACG AACCATATAA CAATGAGTTC 240  
 AAGAAAGATG ATCGAAAATG CGAAGAATGA GAAATTTCAA AGGTGCGCAn GTCAAGCCAT 300  
 GTGTCAGGGG GGCATATGAT TTCnGGTCAT CAGTAAGGAC TGTGTCATGC CATGGCCATC 360  
 30 TGTGTGACnG ATCTCTAATA GAATCTCAGA TGCCCGGCAA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 950:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 556 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 950:

AAAATCTTCG ATGACAAAGA AATCTAATGA TGTTTCTTTA AAATGACCAA ACTGCAACGG 60  
 45 AATGATATAA CCACACTTGA GATATGGCGC TTCTTTTTTC AACTTAGTCA TCACATCATA 120  
 ATCCAAAGAC ATCACACGAT ATTGATGTTT AACACCATGC TTTTTCAAAA TATCAATAAC 180  
 ACGTTGTGTA TAATCTGCTG GTTCTTTACC ATGTGGCTTT AACTCTACTA GTAGCTTCAC 240  
 50 ATTTGATTGT TTAGCCGTTT CAATAAATTC GTCTAAGGAT ACAAATTTTG CTTTCATGTCC 300  
 ATTTTGACGC ATTTTCAAAC CGACGATATC TTTGAAATTA GATTCAGAAA TATTTTTATT 360

CATAATTGTA TCTAACTCAA CGTATTCGAC ATTCGCTTTT GCAGCAGCTT TCAATGACGG 480  
 AATAGAATTT TCAACACCTT TATCTTCGAA ACCACGTGGC CAATAATGGA GATATTGTAA 540  
 5 TTGATAGTAT TATTGG 556

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 951:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 469 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 951:

TTGTGGTAAT GATGTTAATC AGTATATTTT TACTTTTGAC AATGACATCT AAAGGATTAA 60  
 20 GCAATCTTAG AGTAATAGAT GATGAGGCAA ATATCATTTT TTTTATTACT GAATTGAATT 120  
 ATATTAAGTC GCAAGCTATA GCAAATCAAG GATATATCAA TGTTAGATTT TATGAAAACA 180  
 GTGACACTAT TAAAGTAATA GAGAATAATA AAATACGATT TCTAAAATTA AAAGTAGGCA 240  
 25 AAATAATTAA TGTTGCAAAA GTTGATATTA TTGCCTTTGA TAAAAAAGGG AATATCAATA 300  
 AATTTGGTAG CATAACAATT TACAATAACA ATTCAATTTA TAGgaATAAT ATTCCATATT 360  
 GaAAAAGGcA AGAATTCGTT ATGAAAAGCT ATAAGTGTA AGGTTTCATTC TTAATAGATA 420  
 30 GTATGGCTGG nTTTTTGCCA ATTGGGATTG nATTACATTA CTATTGATT 469

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 952:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 730 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 952:

ACATnTATAA TnCTTATTTG CTGCTCCTT TCACTTTTTA AGAGTAAAn ATAACCTGAA 60  
 45 ACATAACTTT AACATCCAAG TTTCAGGTTA GTGTAATGTA AATGATTTAC TTTGTThTAT 120  
 TATGATTAAA CATCTAATTC TCTGCTTGTA AGTGCTTTAA TCATCTCTGG ATCAGCATGT 180  
 GAGAAAAATT GGCTATTACT TTCTTCTAAT GTCGCAATTT GTTGTTTATC TTCTTCTGTA 240  
 50 AGTTCAAAAT CAAATATATC TAAGTTTTGA GCCATACGTT CTGGATTTAC TGATTTTGCG 300  
 AGTACAACAA TGTCACGTTT TACTAACCAG CGTAAAATAA CTTGTGCAAT TGATTTGTTG 360

AATGGTGCCC AAGCTTCTAC CACAACATTT TCTTGTTGAA GTGCTGCAAC TTGTTCTTCT 480  
 TGTTGATGGA ATGGATTAAT TTCTATTTGG TTCACTTGTG GTTGAATTTG ATTGTGAATA 540  
 5 CCTAAATCTA CAATTCGATC AACGCCGAAG TTAGATACAC CGATTGCTTT AAaTTTTACC 600  
 ATTTTCtTTT AACTCCTCCA ATGCACGCCC ATGGAGCCAT ATACnGCCAT TGGTAAAGGT 660  
 TGGGTGGAAT nAAGCACCTA GGATCCAGGA TAGGTCCCAA ATTTTAATCC GGTGGGnAAT 720  
 10 GGATCGGTTT 730

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 953:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 953:

ACAAATGACA ACGTACAATG ACGTCTTCAC AAACATGCAT TTTAGGAGAT TGATTATTAC 60  
 25 AAATATCCAG TTTTTGTGA CATCTATTTG CAAATCTGCA CTTATTAACG TGAAATGCTT 120  
 GGATTGATGG CACAATTCCT TCTATCGTTT CAAGTCGTTT CTGCTCTTCT TTAAGTTTTG 180  
 GAATTGTTGA TAATAATTTT TGGGTATAAG GATGTTTCGG ATTGTGTAGT ATTTCTTTTA 240  
 30 TGCCTCCAAA TTCTACAATT TGACCTGCAT ACATACTAA GACTTTATCG CAAAACCTCAG 300  
 CAACTACACT CAAATCATGT GTAATCATCA TAATTGCCAT TTGCGTTTCC TTTTGCAATT 360  
 CTTTAAATAA GTCTAATATT TGCGCTTGAA TCGTGACATC 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 954:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 251 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 954:

TAAATCTTGA GGACGTTTGG TCTGAAAGCG ATGCTCAACT GTTGATAAAT CCAATTCGAT 60  
 AACATCTGTA TAATTAGGAT CTTCTTTCTC AACATCAAA ACATATGGTT TTGTTTCAAA 120  
 50 TATTCTTTTA CTAGCGCGAT ATGTTCTGCT GATCTACCAG TTAAC TTCAT ATATTTAAGA 180  
 ATTCTCATCA ACTGGGGAAG AATCCGCAAG TTGCTCCATA CTCTGGTGCC ATGTTTnCAA 240

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 955:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 514 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 955:

AAACATTTAC ACAAGTAGTA GAAGCAATTT ATGATGAAGA AGGTAACAGC TTaGamgCGG 60  
 CGCGCCATCC aTTACAAATC GTTCAAATTA AAGTGGATCG CCCGATATAT CCAAACAACA 120  
 TGATGAGAAA GGAAATTGGC TAATGAAAGC TACTACAATC ATTGGCATAG CTGGTGGATC 180  
 TGGCTCAGGA AAAACAACCTG TAACTAACGA AATTATGAAA AACTTAGAAG GTCATAGTGT 240  
 CGCTTTACTT GcTCAAGATT ACTATTATAA AGATCAAAAG CACTTGACTT TCGACGAGCG 300  
 CCTAGAAACC AATTATGACC ATCCATTTGC ATTCGATAAT GATTTATTAA TTGAAAATCT 360  
 TAAAGACTTG AAAAATGGTA AAGCAGTAGA AGTACCGACA TATGATTATG CtAGTCATAC 420  
 AAGAAGTGga CATTACCATT GGATTTTtAA ACCTAAAGAT GcTTATTTAT CGTAGAAGGG 480  
 CCTTTTTTCGC CTTTAGGAAA ATAAGGGTAT TTAC 514

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 956:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 388 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 956:

ATTTTAACGA ATATCTTGCC GTACGATGCC CAAGCTGCAT CTGAAAAGGA TACTGAAATT 60  
 ACAAAGAGA TATTATCTAA GCAAGATTTA TTAGACAAAG TTGACAAGGC AATTCGTCAA 120  
 ATTGAGCAAT TAAAACAGTT ATCGGCTTCA TCTAAAGAAC ATTATAAAGC ACAACTAAAT 180  
 GAAGCGAAAA CAGCATCGCA AATAGATGAA ATCATAAAC GAGCTAATGA GTTGGATAGC 240  
 AAGCCATAAA GTCTCACCTG AATGACGGTC AAGTGTATAG CATAATAGTC ATGCTAAGTT 300  
 AATGAGTCTC AATGTGTAGG GCACAAGTGC GGGCGTCTAT GCATGAATGT TGCCACGCTC 360  
 ACAACTGGGA AGTGTAATG TGACTGTA 388

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 957:

- (A) LENGTH: 394 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 957:

10 AACAAAGTAC ATCGCAGTTA CGAGAAGAAA TAAATGCATT GTATAATCAA GTTATAGAGG 60  
 TTGGACAAGC GTTATCAAAG CAGCGTCGTA TAGTCGCTAG GGAGTTAAGw GACCACATTG 120  
 TATCGGAAAT TCAAACTTA CAAATGAAAG ACGCAAATCT TGAGATTTCA TTTAAAAAAT 180  
 15 TAGAAGAACC GAATATTGAT GGAATCGAAT TTGTAGAATT TTAAATCAGT CCAAATAAAG 240  
 GGGAAACCATT AAAAAGTTTA AATAAAATTG CGTCAGGTGG AGAACTTTCT AGAATTATGT 300  
 TAGCGTTAAA AAGTATTTTT GTTAAAtCGa GAGGTCAAAC TGCAATTtTr TTcGATGAGG 360  
 20 TTGaCTCAGG TGTATCtGGr caAGCTGcAC CanA 394

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 958:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 503 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 958:

CCGCCATTTT TTTCGATTTC TTTTCAAGT TTTTCACGGT CTTTGAAGA TAGACTATTG 60  
 35 AAATCTTTTG CACCACTATC ATCAAAATCA ATATCTGCTT TCAATTTTGT GCTAGATTTT 120  
 AAAATGAAAT TAATTGGTTC TTCAGcATAt TTGATGCCGA TATyTAACGT AGATTTCTGA 180  
 GTGTTATTyT TTACGTCAGA ATCTATATTA TTTTCAAAG TGAATTCATT TTCGTCGCTA 240  
 40 TATTTATCTA ATGCGACAGT GATTTTACCT TTATCTTGAC GTTTTG TGCC ATCTACTTTT 300  
 TCTTG GTTAT CTAATTTGAT TTTTGATTCA TCATATTCTG TCTTTTACC AAATTCGTAT 360  
 TTATCATTAT ATTTATtATC TTTwTCTTTA GAAGATACGC CTTAATTGT ATATTTGCT 420  
 45 TCAGCATACG TGTATTTATC TTGATCGAAA TCAAGTGCGT AATCTAGTTT TAACTTATCG 480  
 TCTTCTAAAG TATTAGTACC TTT 503

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 959:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 307 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 959:

TCAAACGTAC AGAGCTTGTT AAGTGTtTAG ATTATTTACG AGAGAGCGAC ACATTAGTTG 60  
 5 TCTATCAACT TGATCGGTTA GGTAGAACGA CAAAACTATT AATTGAATTA TCACAATGAT 120  
 TCGATGATAA CGGAATTGAC TTACCAAnATT AGTAACCTGA ACATTtCCAC GAAAGACCCC 180  
 10 ATGGGGCCAA AATGTTTTTA CCGATGATGA GTGCCTTTTT CCGGGTTAGA AGTTAATTTA 240  
 CTATGTGAGT GTATAAAATA GACTnAGCAG CCACAAGnCG AGAGGCCGAA AAAAGCGGGC 300  
 GCCCTCT 307

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 960:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 960:

ATAAGGACAT TTATAGTCGC CATATACGAC AACTAATGGT TTGCCGTTTT TCGAAGATGT 60  
 CGTTGCTGAT TCTTTTTTAC CGCAAGCTGT TAAAATTAAC ATGCTCACTA TAAATAATGT 120  
 30 TAGTAATTTT TAGTCCATAA TTACTCCTAA TCCTAACCAAn GTCnGCnAAA TTTCTCCAT 180  
 GATAATCCGC ATCATGTTGT TGATAATATC GTCTCGAATC AAAATCTTGC TTATATGATA 240  
 CACGTTTATC ACTAAAATCA TATGCATAAT AATGCACTTC ATCATCATTA CTCAAAGGTT 300  
 35 TATAAGCTAA AATGATAATT TTATCCTTAT CATAGACATA AATATTAGCA TCTTTGCGTT 360  
 CAAAATGATC AACACGATCA CCGTGCCTTT TTTGGCAAGT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 961:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 961:

ACAATTAGTT ATACCCAAAA GAGTTATGTC AGTGAAGTAG ACAAGCAAAA CTCAAAATCT 60  
 GTTAAATGGG GTGTAAAGC AAACGAATTT GTTACGCCTG ATGGAAAAAA ATCTGCGCAT 120

GCTCCTGATA ATCAATTGCC ACCTTTAGTT CAAAGTGGCT TTAATCCATC GTTTATCACT 240  
 ACACTATCAC ATGAAAAAGG TyCagTGATA CGAGTGaATT TGaAATTTCa TATGGTAAGA 300  
 5 ACTTAGATAT TACCTATGCG ACTTTATTCC CTAGAACTGG TATTTACGCh GGAAGGAAGC 360  
 ATAATGCATT TGGAAATAGG AACCTTGTAn TTAnGTATGG 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 962:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 358 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 962:

20 CTTTTACAAA GACAAATTAG CGGTAATCGG TAAnGATCGT TGTTGATCCA GTTGCACTAT 60  
 TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA 120  
 ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC 180  
 25 TGGTGACAAT AAGATTGGTA CACTAAAAAA GGTATCGGTC CAGCATATGT AGCCAAGTCA 240  
 CGTATCGGTA TCGTATGCAG ATTACTTGAA AAGAACATCG AAGATATTAA ATCAACATGA 300  
 30 TATAACCAGC TATTCAAGGA TGTTACGAAC ATGnCACATT GATGAAnCTT GAGATATA 358

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 963:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 258 base pairs  
 35 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 963:

40 AGTGAGCAGG TTGAAGTAGT AGGGCCGATT CAAATGGAAA GAGATACACA TAAAGATCGT 60  
 AAGGTAAAGT GGCAATTGCT TTATATAATG AATCAGGATG ATGATGAAAT TAAGCCACCA 120  
 45 TTTTTTATTC AATGGGAGGA AAGTGATTCC ATTGCGTACT AAAAAATTGC AAAAAATATT 180  
 TCAAAACCAT TTTCAATTGA AACTGTATTG TGAAAGTAAA ACCGTCACAA CAGTATCGAT 240  
 50 TGGTTGAAnT GGTnGnAT 258

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 964:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 55 (A) LENGTH: 388 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 964:

	TTATCAAACC GCCATAGCCA CATCTCGATT CAAGGATAAA TTTGTTTTCT CATATCTTAT	60
10	CTCTCATGAC AGTGCACGAT ATATATCTTT TCCAAATATT CATCACTTTT TTCCTGTAA	120
	AATCATTTCT ATTATTAATG CTTTAATGAC AACTTATTTA ATTTATTGCA TTTAATGCCC	180
	TGCTTCATTT TCAAATATTA ACTTTAATCG ACTAGCTCAT CACACTATTT ACCCTTTCCA	240
15	CCTATCACTA CTGAATTCAA AACGATTGT TTACAAATCC CCTTATGCCA ACGGTCGAAT	300
	TTCATCATGT TTACATTTAA TTGCAAATGC CCTCTTGAAA TATTTTAAAA TTAATATTAT	360
	TCTTAGCATA CTAGTCGGAA TTATATTC	388

20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 965:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 602 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 965:

	AAAGTGAGGT ATAGTCCGAC CATACTCTAA AAACGTAGCG AGATAAATAT ATTTCAATCC	60
	TAACTTTTAT GTTTTGAGGC ACTTGCCATT TAGGATATTG TCGTTCGTAA TACGACACTT	120
35	GTTGTATAAA TACACCTAGT CCAAATGGCA GCATCATGAG TAAGATACTT CTTAAATAAC	180
	TTAAACCAAT ATCATGCCAT ATGTGTCCAA TAATCAATTG AAAGACAATG ATAGATACTA	240
	TTAAAACGAT TATATTTATT GTCACCTGTT CAAACGCACT CCTTTTCCAA ATAATAGAAT	300
40	TGCTGCTTGC ATGACAACCA TAAAACATAC AAACATAGCA GTTTTAAGCG TTAGACTTTC	360
	TAGAATGTGa TTTAGAACAT GTAAGGGCTC ATTAAAGAAA TAAACGGaAT GTAAGCGTAA	420
	GAAACGACCA ATATAAATTC CGAATCCATT TAAAAACATT AGcACGaCAA CrATTAATCT	480
45	ATTaAGCCAA CGGTGaGaAG TCAATGtTAG TATTTCAAAA TAGATThAAA TCATCACATA	540
	AACCGCTAAG AAGACACCAA GCAGTAAATA GGTAAGTAT TTCCACTCAC TTAAATTTAG	600
50	TC	602

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 966:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 744 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 966:

	GTCCTAAGGT AGATTTATCT ACAACTGTTG TTATTTTAnC AATTATTGGA GCGATTTTAT	60
10	TAATGTTTGC TAGCATATAT TTTATnAAAA TTGTGACATC ATACTTTACT AAGAACTTT	120
	TAGAAATTAA ATTTAATTCG AAATAGTATT TTCAATGAAG TGCTTCAAAG CTAAACTTTC	180
	ATGACATTTT TTTGAAACTA GAGAAAATGG CTCATCAACT TCTAGCtGAA TGCCTTCTTG	240
15	AAAATGTATT AATGTTGAAT TCTCTATGGC AGTCATACCA ACAATATAAT GTGCATTGAT	300
	ATAAATTTGT ATCGGTGCAC GTTTATGTTT TAACGGAAAA AGTATAGTTT TTGGGTTGAT	360
	GTAAATAGGA ACCAGTTTAT TAATATTTAG TATGTTTTTT GCAGTCTCAA TTAGCACACT	420
20	TTGTGATGAT AAATGCAATT TCGCATAATA TGrAACGAGT TTGTTAATTG GAACTTTAAG	480
	AATGTAATCG CAATGTAAAA AGACACAATT TGTTTCGAGA TGGTTTGAAG TAGCAGTTTG	540
25	GATATAAAGT AGATATTTAG TAGAATTGTC TTGCAAATAT AGTACTCCTC GTTTAATAAG	600
	TTGTTAATTT AATGGTTAA ATAAATTTAT ATGAAGATGT TAGGGTGTTT CAACATCATT	660
	AACACATCGA CCGAAATTC ACAATAAACT AATTAAAATT ATGTTGGCAT TTACGCTTAA	720
30	CGGACATCTT AATTAATTTA ATCG	744

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 967:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 503 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 967:

	TACTTTGCAG GAGCATTAGG TATTCTAGCA TTTATAATGT CAATTGTATT GATTCACGAT	60
45	CCGAAAAAGT CTACGACAAG TGGTTTCCAA AAGTTAGAGC CACAATTGCT AACGAAAATT	120
	AACTGGAAAG TGTTTATTAC ACCAGTTATT TTAACACTTG TATTATCGTT TGGTTTATCT	180
	GCATTTGAAA CATTGTATTC ACTATACACA GCTGACAAGG TAAATTATTC ACCTAAAGAT	240
50	ATTTTCGATTG CTATTACGGG TGGCGGTATA TTTGGGGCAC TTTTCCmAAT CTATTTCTTC	300
	GATAAATTTA TGAAGTATTT CTCAGAGTTA ACaTTTATAG CyTGGkCaTT AwTATATTCA	360
	GTTGTTGTCy TAAAwTAWT AgTTTTtGCT AATGGACTAT TGGGTCAATA ATGGTTAATC	420

55

TTTTCCnAA<sub>n</sub> ATTGCnGGGG AAG

503

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 968:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 465 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 968:

TACAGGTAAA AAAGGTGGTC CGTTTATCGA TTCATTAAAC CATCGTAGTT ACACGAAAGC 60  
 ATATGTTTCA TCAGAAACCG ATATTCCATT TTATGCTGAA GCATTGGAA TTAGAGAAGA 120  
 AAATGTTGTA CCAACAGGTG TACCACGTAC TGaTGACTA TTTGATGAAG CTTATGCAAC 180  
 ACAAATTAAA CAAGAGATGG AAGATGAATT GCCAATTATA AAAGGTAAGA AAGTTATTCT 240  
 ATTCGCACCG ACATTTAGAG GTAATGGTCA CGGTACGGCA CATTATCCAT TTTTAAAAT 300  
 TGATTTTGAA CGTTTAGCAA GATACTGCGA GAAGCATAAT GCAGTTGTGT TATTCmAAAT 360  
 GCATCCGTTC GTAAAAAATa GmCTTAATAT TcaCgTGaAC CATAGACCAT ACCTTAATCC 420  
 GATGTGGTCC AGATCCATCC GTGGAAAGTT AAACGGATAT TCCnC 465

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 969:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 300 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 969:

AATTCGGAAC AACGAGCTGG CAACAACATA AGATGACAGA GGCGAATGGT CAATCAATTC 60  
 AAGTTAACTT AAATAATGCG CAAnGCGATT TGGGATATTT AACTGCTGGT AATTACTATG 120  
 CAACAAGAGT GCCGGATTTA CCAGTAGCGT TGAAAGTTAT GAGGGTATTT ATCGGTATTC 180  
 GTAAAGATGA TACAACAACn ATTTACTCAC ACCTATACTC TAAAAGATTn CACACGTCAT 240  
 CACAACGGCG ACTTGAGCAA CATGGACAGT TCCTAATGAA CATAATCAAC GGTATTGTTC 300

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 970:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 970:

5 ATACGCGAGC GAACGGTGAA GCGACTTGCT GCTGCAAAAC GTCTGCGACC TTGAGCAACA 60  
 ACATGAATGG TCTTCGGTTT CCGTGTTTCG TAAAGTCTGG AAACGCGGAA GTCAGCGCCC 120  
 TGCACCATTA TGTTCCGGAT CTGCATCGCA GGnATGCTGC TGGATTATCA TCCGATTTTT 180  
 10 AAAACGTTAT TAGGCGTTGT CGTTGCAATT CAATTTACAG TACCTGCTTT GATTGGTGCA 240  
 TTGGTTGCCA TGAAATTTGA CCTATCGCCA TTAGCAATTG CTGTTGTGGC AAGTGCAGCA 300  
 TATGTAGGAA GCGGTGCAGC GCAGTTTAAA AATGGTGCTT GGATGATTAC GGGTATTGGT 360  
 15 GATTTAATnA ATACAATGAT TACAGCAGCG ATTGCAGTTG 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 971:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 251 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 971:

AAGTGTAAGA TTAGAATAAA AAATTTATAA ACGAATTGAG AAAGACCAA GCTAGCAATT 60  
 30 ATTCAGAAAT TAAATCGAAG AGTCCTACAG TTAATGACTT ACCTGAACGA GATTTATCnA 120  
 ACAAATCTCA GTATGACCAA TATGGCAAAT GCCGTGTCCA TGTTAACTGA TGAAAAGTAC 180  
 TTTGGTGGTA GTTTTGAAAG ATTACAAGCA TTGACGACAA AAACAACATT ACCCGTATTA 240  
 35 TGCAAAGnCT T 251

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 972:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 414 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 972:

TGAAGtCTT aATAAATCTT TTCTTGAACA CACACCAACA AAATCGTTAT CTTCAATTAAT 60  
 50 AATAAATAAT GTACTTACAT CTTCTAAAAA AATTGTACAA ATAGCGTCAT AAAGTGTGT 120  
 ATTCTCTCTT AGCACAACAG GTTGAGACAT ATAGTCCTTA ACCTCAAATT GTCGAAGTTT 180

TTCTAAAAAA CCTGACATTG TTAATATCGC TAAATCTGGT CTAAGCGTTG CTCTTGTTAA 300  
 ATTCAACTTA TCTGCTATTT GTTCACCAGw AATGGGTCCT TTAGTTTTAA CAATTTTCGAT 360  
 5 GATTCGTTCT TGTCTTTGAC TGAGTTCTrw AGGkCTTCac CCCTTTtTAT GCnC 414

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 973:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 747 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 973:

GAAATCGATA CTAATATCTT CTTTATTTAC ACCTGCTAGT TCAGCTTCTA AGTAATATAA 60  
 20 TTCGTCTGTt CATAtATAtt CGTtACAAaT GAAGGTGtTg AAAaGTaATT AAaTaCTTGT 120  
 TTaCCTAAAT CTTTAAaTGT ATCACTTGGA TTACCGTTAA AAAAGTTTTG ATTCTCGAAT 180  
 TGATTGAAGT TCAtATCATC ACTTCCATTA TAGAAATTTG TATTACAAAG CCATTATATG 240  
 25 AGTAGTATTA AAAAAGTTAA AGTAAAAGGG GAGATAAAAA AGTAATAAAT GGGTAGATTT 300  
 GTGCCTGATA AGGAATCAGG GCAAAAGAAC TGAGCATCGA GATTTATACA AGCAATAAAG 360  
 ATAATGAATA AACATATCGA TGCATACTTC TGCCCATCAC CTTATGATAG GGAGTTATTT 420  
 30 TTTGTGGAA TAGTCAAAAT TTTTAGAAAC AAAATCCGC AAATTATTAA TTATATCTGA 480  
 TGCTTCTCGT TCTGAAATGT TGAATTCATT AAAGACcTTA ACAGAAATTT CAGCAAGAGG 540  
 GCTTTTTTATT GCTTTACCTT GTTCTGTTAG AGAAATTTGT AGGTTTCTTT CATCTTTCTC 600  
 35 TTCACGTGTT CGAACAACT AATCTTTCTT TTCTAATTTT TTTAGTAATG GkGTCAGTGT 660  
 TCCAGAATCT AAGAACACAC GTTCACCTAA TTTTTTGATG TTAAGTTTTT CATCATTTTC 720  
 40 AATCGCCAAT TAAACCAngG TAnCnGG 747

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 974:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 257 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 974:

TGCTTCCAAG TAATGTGGAC ATTTAATACG AGCTGGGATT GAGATACACC TTGCAATGCT 60

TCTTGGnCAT TTGCATTGCT TCTCCCAAGT GAATGCCTTT AACAGCTTGT GTCATCATCG 180  
 ATGACTTGCC ATTGAAATCG ACAACCTTCA CCTTCAAAC TAGCATCTTT TATAATGCCG 240  
 5 nCTTCTATAT CAAATGT 257

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 975:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 451 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 975:

CAATGGAGCA TATTTTACGT TCGGCAATGG ACATTGATCA nACAACAAA CATTATATAA 60  
 20 mTAATAAAGT AGAAGTTATC AAAGAAATTA TAAAAAAGT AAGAGGGGGA AATCACGTGA 120  
 CATCACAAA TCCAGAAGTT AATTACGAAG CATTAGCTAA ATATGGCCGC GACTTAGTAG 180  
 AAGAAGTTAG ACAAGGTAAA ATGGATCCTG TTATAGGAAG AGATGAAGAA ATTGCGAAATA 240  
 25 CGATTCGTAT TTTAAGTCGT AAAACTAAAA ACAACCCTGT GCTCATTGGT GAACCAGGTG 300  
 TTGGTAAAAC TGCAATTGTT GAAGGATTAG CGCAACGTAT AGTTAAGAAA GATGTGCCAG 360  
 AATCATTATT AGATAAAACT GTTTTTGAGT TAGATTAAAG CGCATTAGTA GCGGGCGCTA 420  
 30 AATATCGTGG TGAATTTGAA GAGAGATTAA A 451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 976:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 571 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 976:

AACTATTAAT AATATTAAGT TCACTACAGA TGTTGCTAAT GGACCATAAG TTTTAAAGAC 60  
 45 ATCTTCACTT TTATAACCAA CAATCGCATC TAAAAATTGA ACTAAGATCA TTGCAATGGA 120  
 TATAGTTATC AAAAATATAG CACTATGAAT GACTAAAGAA AnAATAGCTA ATAAaAATAA 180  
 AGGTAAGCTT CGACTAAGTG cATAATATGC ATTTATATTA TGGCTAGATG CACATGCTTG 240  
 50 AATTGAATAA CCTAACTTA CACTGGCACT GATTATTGTA AATATTGCTA AAACAAAATA 300  
 CATGTTAATC CTTCTTTCTA TATTTGGATA TAAACAAGTA CTTGTCTAAA GTTATTTAAA 360

TATAACTATG TCATAAACTG AATTTGTTGA AATTTTTCAT TATGCAAATT TATTAATAAC 480  
 AAACAGCTCG AACTATAGCA TCATTTTACT AATGAATGCA TTAAAGTAAC TATGACTAAA 540  
 5 AATGCATATT AATTATCATT ATTAAGACTA T 571

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 977:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 274 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 977:

CCCGAAAAAA TTTAGACATT TTCAAACAGT AACATTTGAA GATTTGTCTA AGCTGGAAAA 60  
 20 GAGTAGTATG CCATCAGGGG TCGGTATATT AGGCTATGCT GTTGACAAAG GTGTTGCTTT 120  
 AAACAAGGGG CGCATTGGTG CAAAGAAGG ACCAGATGCG ATTAAACAAG CATTTGCAGG 180  
 TTTGCCGAT TTGAATCCAT GTGnACTTTA GTCnGATTAC CGGAATGTTT ATCCTGGTCA 240  
 25 TGGGGGAATT AATTGGATAC CCCAAAAGG AATT 274

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 978:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 877 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 978:

nTnTTACTTC TTCTTTTAAT ATTTCTCGTA TAGCTTCAAA TTTTTCAGTG TCAAACAGTG 60  
 40 TTCTTAATAT CCCTTGCTTT TCACGACTGT TTGATATTAA AAAGCGTTTG AATTCACCTT 120  
 GAGGCAAAT AAACAATTGT CGGAATTGAT CTGCATTAC TCCTAATAAT TCAATAATGA 180  
 ATTGGGTACC TGAAATTACT TTACTTTCTC TAATTTTATA CTTGCCATCC ACCATCTCAA 240  
 45 ATaCATCAAA TTTAGCGTTC GTTTTTGTTG TATTACCTTC TTTGATATAA GGGCCTTGTC 300  
 TATGCACTTT ATAAATTCTGA TGATTTAATT GAAATTCAAA TGTTACTGAC ATCGGCTGTT 360  
 TACCATCAGC GAAATGACTT CTCAAATCAT TTTCTTCTCT TTGTTTCAAGT GATGCTTTAC 420  
 50 CAAACAAGGC ATAAGTCATT GCATCAAAAA TCATTGTTTT ACCCGATCCA GTCTTACCAC 480  
 TTATTAAAAA CAATTCATTA TTATCAATTT TAGAAAAATC AATTTCTTCT TTTAAAAAGG 540

CGTTTTCTAA AATATTTTTT ATCTTTTATAG ATTGGATATC CgATAATTCT TTATCAGTTA 660  
 TATGTTTATA AAACATTTTCg ATAATTGACA TGTCaTCTTT TTCACTTATT TCyATAGCAT 720  
 5 TATTTTCTTC ATnGTAATTA AAAGTTTCAT TCGTCAGCGC TAAAGTATTA GGATAAATTn 780  
 GTTTTAAACT CATCATGGGA TCAGTAATAT GAGACATATT TTTAAGTTTA AAATGTAAAA 840  
 TAATTATCGT TATnTTTCAC ATGAACTTnT TCATTAA 877

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 979:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 624 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 979:

ATTGGTACTA TACCATTTGT CCATTTTAGC GAAGACGTTA AACTATCGAT TAGCTAGTGA 60  
 AGAAATTAAT CTCACTATAC CTTCTATACA TAAGCAAATT AAAAATTTAG AACAGCATCT 120  
 25 CAATGTGAAA CTATTTGAAA CTTATAAAAA TCAAATTATC TTGACTGAAG ATGGTCATAC 180  
 ATTTCTTCCA ATTGCGCAAA GTTTTATTGA ACAATATGAA AGTGGCATCA AACATATCCA 240  
 ACTTAAAAAA ACGATGTTTC AATCGAAATT AAATGTTGTC GTGTCTTCAT ATATCGCGAC 300  
 30 ATTCATTATG CCCAAATTTT TAAAACTTTT CTTTAACGAG CATCCTTTTA TCGATGTTTC 360  
 TCTTCATGTC AAAAATGAAA ATATTGAAAA AGATATTAAT AATCATACGT ATGACATCGG 420  
 GATTAGCAGA AATCAACCTA AACTAAGAGA AGTTCATTCT GAAAAAGTAT GCGAAGGTAA 480  
 35 AATTGTATTG ATTGCTCCCA ATAAAGAGAA TAATCATCTT CTAAGTGGG CATCTTTATT 540  
 TGAAAAATAC AAAATAATAA GTGATAACCA TCCAGAATAT TGGGTCATCA CTTAAAAATA 600  
 40 ATATTTTAAA TATTTATGAA AAAG 624

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 980:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 457 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 980:

TTTGTCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGTTAAT TGTGACCT ACGCTAACCA 60

TKGATTCATC AATTTTCAGCA CCTAAAGCTT TAAATCCTTT AATATGTTGA TCAATTGGAC 180  
 GTGGCCCAAG TGGACATCCT CCCGGTAAAC CAATCACACA TTTTTTAAAT CTACCTAACA 240  
 5 TGGCACCCAT CATATAGTAT GAAGCACGTA ATGATTCAAC TTTATTATTT GGtAAATGCAG 300  
 CATTTTGTtAT TTCAGTTGTA TCAACTTCTA AwTCCGTACC ATTTaGTGaw GcCTTAAtAt 360  
 TTAAAtCtkC tAAtAAACTC aCTAAAGTTT TAACATCAGA GATTThGCGG TAACCCTTCT 420  
 10 AATTTTCACAT GTCCTTGAGC TAATAATGTT GCAGGAA 457

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 981:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 997 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 981:

ATTGCAGCAA CGCCCCCTGT AAAACTACGT ACTCTTACAT TTATGAAACC TGCTTCTTCA 60  
 25 AACATGCGCT TCAACTCTTC TTTTCCAGGA AAATTAAACG TAGATTGCTG TAACCATTCA 120  
 TATTCTTCTT TTGATTTTGC AAATAATTTT CCAAAAATAG GCATAACAAA TTAAAGTAT 180  
 AGTGCATACA TTTGTTTAAA GACTGGCAAA GTTGGTTGGC TCGTTTCAAG ACATACCACC 240  
 30 ATACCACCTG GTTAAAGTAC TCTATTCAAT TyTTTAAaCG CGACTAAATA GTCTGGCACA 300  
 TTTCTTAATC CAAACCCAAT TGTTACATAA TCAAAAGAAT TGTCTTCAAA CGGCAATTCC 360  
 ATTGCATCAC CATGAACAAG TTTAACATTT TCCATTGAAG CAGTTTTTTC TTTTCCTACT 420  
 35 TCTAACATAT TCTCACTAAA GTCAATACCA GTAACCTCAC CTGTTGGTCC TACAGCTTTG 480  
 CTTAATGCGA TTGTCCAATC ACCAGTACCA CAACAAACAT CTAATGCTTT CGTCCCTTTT 540  
 40 CTAACACCCA TGTCTTTCAT GACGCGTTTT CTCCATACTT TATGCTGCTC AAAACTAATA 600  
 ATATTATTTA ATCTATCATA TTTTTTTGAA ATATTTTGAA AAACGCGATG TACTTGCTCT 660  
 TTATTTGCTT TATTGTCAGC CATGCTTAAT TACCTCTACT TTTTAAATAA CTTTTTTGGA 720  
 45 TATCGTGTA GTAATGCTTT ACTTCACTTT GATTATATTT CTTGAAGTAT GATGGATAGT 780  
 AATCAGACAT ATCTTCAAAT AAATAATTAT ATATTTCCGA CTCATCAATA TTGATACCGA 840  
 AATGAGATAA CGTAAtATAT GGgAAAAGTG tTTCAATTTT TACTATTGCT TGAGAAATTT 900  
 50 CATAATCATT TAAAGCTTGA TGATGTAATG AAGATTTCAA TTCATTAATT TCAACAATTG 960  
 CTTTACTAAT TTCATTTTGA AATGATAAAT CATTGAT 997

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1118 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 982:

10	CATTCCCTTT ATCGGnACAA TTATTTTAAA TAATTGGTTA ATAAGTTTTT CTATTAATTG	60
	CTGTTTTACT TTCTAGAGCA ACAATAAATG TTTTCAGTTT AAAATAATTA AGATTGTCAT	120
15	TTACTAATTT GCTTTTTCCA TTCTTTAACC ATAAATCAAC TTGTAATTGC CACTCAATAG	180
	GATGATTTTT AATATAAATT TGCTCTGGAA AAATATAACC ATAATTGTGC ACTACTTCTT	240
	GATCAGTTAA CTGTAATTGA TACATTGCAC TTAAAGTGGG TTCTAAAACA GAATTTTGCC	300
20	AGCGACAATA TTTGATATAT TGATTAATTG CGAACTTTGA TAATTTATAA ACAGCATGAT	360
	AATCACAAGG CGCCTCATTA AACAACTCAC TAATTTTGGC ATTTCTTTTT TCAGCGACAT	420
	ATTTGTGCCC GCCTAAATAT TGTATTGTT GAAACATCAT TATTTGTTTT TTCTCTAAAT	480
25	TGAACGTATG AAGTTTTCGA GTGAATGGAT TAATAACAT ACTTTGAAAA TGATTGAACT	540
	TCACTTTATT ATGACAATAA TCAACATCAT TTAmTAACCA ACTTACTTTA TATCCCATTT	600
	TCTTkAAACC TTCCGTTTCGT TGAAGAATCT GTTTATAAGG AATTGGCGAA TACTGTAGCT	660
30	CAATAACATA TTTATTATTA ATCAAAATAT CCGGAATTTG TTTTATTTCT TTAAAAATG	720
	GCTCTATCTC TACTTTACAT CCTGTGTGCT GTATCATCTG TGCTAAAATC AATTTACTTT	780
35	TATAATGTTT AATCGTTTCA TTATTAAAC ATTTTGTTC CGCTAAATGT TTATGTGCAA	840
	AATGACTAAT TACTTTGAGC CCACGCTTTA AAATAACTTG CTTGCCACAC ACCGGACAAA	900
	AATATTGTGT CTTTCTCAAT GCAGTAGTTG CTAATACGCG TTCCTTTTCT TCATTTAAAG	960
40	CTACTAACAT ATCTTCACCT CAAAATATTA CACGTAAGTT TAACTACTAT TACTTTTCA	1020
	GCTTTGGAAA TCCATTAAAA AAAAGGGACC CCCAAAGGAG GCCTCCTTTC ATAnGTGCGG	1080
	TGGCCTAATT AAATAATCCG TTAATTCCAG GTGGnCnC	1118

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 983:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 269 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

CATCCCCTGT TAAAAATTGn TATTTGTGTA TTGATGCTTC TCAGnCATTa TTACGAGTCC 60  
 ATATTCATTG CTTCAGTGAA ATATCAGTAG CAATAACATT TAAATCCGGC TTTTCACATT 120  
 5 TCAAGGTAAT TGCAGTACAC CACTACCCGT TTCCGATATC TACGGATTGT TGCATCATCT 180  
 TCTAACTGTT GGTAAGAAAT GCAACCATTa CTGCTTCAGT TTCAGGTCTG GTATCAAACA 240  
 ATTTGAGTTT ACATCAAACG GTCTACCTT 269

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 984:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 298 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 984:

AACCCAAGTG GAAannGGTTT TGGTGAAAAA ATTTTAGGTC CTTTATCTGT CGTGCGAATC 60  
 ATTGTATTTT TTAAACTTTC CGCATAATCT TGATGGTCGA TTAACTTTTC GCGATAACAA 120  
 25 TATTCAATCA CTTCAGAAAT CGCTTGCTCT GATATCTCTT CTTTTTGTAAT ATATTGTATA 180  
 ACTTCTTTTT CAGTTCTCTT TTTATATGAT AAATATTGGA TTGCTTTATT TAAACCTATG 240  
 CGATAATGAT CATACTTTTG AATCTCTGCC ATGTCAGCAG CnTCAAGTTG TnGCCCTT 298

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 985:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 985:

CCATGCGATT CCACCTATTA ATAGTAAGAC AATAATAATA GGAATTATAA TTTTAACTT 60  
 TTTAGACATT TTGCTTCCTC CCAATTATTT ATGAGTTAAT CATATCAGAA CAATACATTT 120  
 45 TATTAAATGG TTTATTTTAA ATTTTGTTTA AATTAATAGA ATTTTAGTTA TAATAATGTT 180  
 TAATAAGTTA TTGGrAATCy AATAAACTAC mAAAAATAGT TTGATTACaT AATGATTCTt 240  
 GAAAAATGkT GGkTAACyTA ATAATATGCA TTTTTTkGGC GArGARgATT tATTtAACyT 300  
 50 ATAAAAATAT kGAaGTAAGA TtGGGGAGAT tATGAATTtA TGGrATTgAA AGTCGATGAT 360  
 TTTGTAAAGA ATATAAAAAG ACCATACTTG ACTGTATTGG GAGTATTTGT AGTTGCAGTT 420

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 986:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 329 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 986:

AAGGTTAGGn TGGAGTACCC AAAGTAGGTT TTAAAGGTTG GAAATACnAG GAGGATGAAT 60  
 AACATGAATC AGTCAGTCAA ATTACTTAAA CATTTAACAG ATGTAAACGG CATTGCTGGT 120  
 TATGAAATGC AAGTTAAAGA AGCAATGCGT AACTATATAG AGCCTGTCAG TGATCAAATT 180  
 ATTGAAGATA ACTTGGTGGC ATTTTTGGAA AGAAAAATGC TGAGAATGGT CAATACTCAT 240  
 TATGATTTCT GGTCTATGGA TGAAGTGGTT ATGGTAACAA GATGTAACT GTTATTCATT 300  
 ACGCGTGGTG TGTGATCAGC nGCACTCAA 329

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 987:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 545 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 987:

CATATTATTT nTATATGAGT TTACCAAGTGT CAAAAAACA ATTGCTTAAT GCCAACTATA 60  
 TTACATGCAT TGTTTTAAACA TTAATTGGAA CGCTTGTTAT TAGTTTATAT GCTTATGAAG 120  
 CAGATGTGAT TGAACCAAAT TCAATCTATT TTTCAACTGC ATATGCATTT GTCATATCTA 180  
 ACTTCTTGTC TATACCAATT GCATTAGTC AATTTACAGA ATTGCGTAGA GTCAAAGTGC 240  
 CATATGGTAT ATACGTGTTT ACTATTATCA TTTTAGTTCC ATTTTATTT TCAATTGCAA 300  
 TAGTATTGGT GAATTATTTT GTTCTAAGTC AATCATCATT CCCAGATTTA TATTCATATA 360  
 TTTTAAATAT TGGTTTTCTA ATTATAAGCA TTGTTATACT TATTGTTAAT TATTTTAAAC 420  
 AGCTCAATAA AATAAATACT AGAAAATTTA AAGGAGGCAG TCGATGAAAT TAGAACATAT 480  
 TACAAAAAAA TACGGCTCAA ATGTCGTTTT AAATGATATT GATTTTGACT TTGGCGAnAG 540  
 TAGAA 545

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 988:

- (A) LENGTH: 607 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 988:

10 ACCTAGCATG ACATAATCAA ATATATCAAA AACACCTTTC TGAAC TGATT CAACCGTTCC 60  
 AATAGTTAAT GGTCTTTCAG AATCAGATGT CTTTCCACCT TGAACAGTCA GATGACTAAT 120  
 TAAAATATTG ACGGCATCTT CATCAATTTT CGGTGCTATT GTTTC AATAC AGCGCGTAAT 180  
 15 TCCCTGTTGA TGTGTTTCAA TGGTGTGATC TTCAAAGTAG TGTTTCATTT CGCTCACAGT 240  
 AGCATAAGGG AGTGATATAA AATTAACCCC ATTTATCTCT ATTGGTGAAT TAATCGATGT 300  
 AAAATCTGTT CTTATAAATA ACTGATTATG TTCAAACCAA CTCGCCCCAT AGTTTAACCT 360  
 20 CTCTTTACCA TCGTGATTTC CACTAATAAT AATTATTGGT ATACGCAGTT CTAAATTTAA 420  
 CTTTCCAATC GCTTGTTCTA ATAACATGAT TGCATCTTTA CTTGGATATG TTGTGTCATA 480  
 TAAAcTCCAG CTATCACAAT GtTATCAGGT TCTTCTTCTT TCATTTTTTC TACGAACATA 540  
 25 TCTAAAATAT ACGCTTGaTC TTCTAAAAGC TGTTTGCCAT CTAATATTTT CCCTAAGTGC 600  
 CAGTCTG 607

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 989:

30

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 722 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 989:

40 ATCGCGTTAA GCAACAATTA CAACAATCAT CATATAAGCT AACGCCACAA CGCGAACTAC 60  
 TGTTAGAGTT CTAATTGAAA ATGAAAAAGA TCATCTAAGT GCTGAAGACG TATATCTGAA 120  
 AGTAAAAGAT AAAGCGCCTG AAATTGGCTT GGCACAGTA TACAGAACGT TAGAGTTGTT 180  
 45 AGCTGAACTA AAAGTTGTCG ACAAATTAA CTTTGGTGAT GCGTCGCTC GTTTTGATTT 240  
 AAGAAAAGAA GCGCAGAAAC ATTTCCACCA TCATTTAGTA TGTATGGAAT GTGGTCGTGT 300  
 AGATGAAATC GATGAAGATT TGTTACCAGA AGTTGAAAAT CGAGTTGAAA ATGAGTTCAA 360  
 50 TTTTAAATTT TTAGATCATC GTTTAACTTT CCATGGTGTG TGTGAAACGT GCCAAGCTAA 420  
 AGGTAAAGGA TAGTAAATTG CGTAGGTAA ATTAACCTTC GCTTTTTTTA GAGGTGTGGT 480

55

TAACACAATT GGTGCTTATA GACGTGATTT GAAAAAGTAT CAAGATTATA TGA CTGAACA 600  
 TCATATCTCG CATATTGATT TTATAGATCG ACAATTAATT CAAGAGTG Tn TGGGGCATT 660  
 5 AATAGACCAA GGGCAATCTG CTAAATCTAT TGC GCGATTT ATTTCAACAA TCCGTAGTTT 720  
 TC 722

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 990:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 366 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 990:

ATCCAAAAAA TACGAAAGCG CTTTCTATAT TGGTATGCAA GTATTTCAAA AAGAATAAAT 60  
 TTAATTTTCC TACTTTTCTA AACATTTATC TTTATGTATA ATGTTTTCAA GTA ACTAAAT 120  
 TATAAATTAA ATAAAGGGAG TGTTTATCAT GCTTACAATG GGGACAGCAT TAAGTCAACA 180  
 25 AGTAGATGCC AATTGGCAAA CTTATATTAT GATTGCCGTC TACTTCTTGG GTnATGACTC 240  
 CAACTTATTG ATAGTGT TnT TATGTTTCAG ATAATGCCCCG ATGACTTTGT CATGCCAGCT 300  
 CCACCGATTT TGAGnAACGA CAGCGACTTC CGTCCCCAGC CGTGCCAGGT GCTGCCTCCA 360  
 30 GTATTC 366

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 991:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 338 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 991:

TGACTACAGT AACATTACCT GTAAATAATG ATTGAATGGC TTCATTTTCA TCATGAATAC 60  
 45 CTGTAATAAA TTCTAATTCT TCATCTGAAA CTTT TACAAT ATGCGCCAAT GGCAAAAAGG 120  
 TATGAATAGT TTGTCTTAAA TCTTCAGCGT TATCCCATAA TGGCAATCTT ACATTAGGAT 180  
 CAAATACGAC AGTACCATTT GCATTTAATG TTTTGGTAAT CAATTGATAA TGTGCATCTC 240  
 50 TCATCGGACT ATCGACCAAA TCAACAGAAC AAAAAATGTAC TACATCATTT TCATTCACAT 300  
 CaATATCATT CACAAAACtk GGkTCaAaTA aCATATCn 338

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 371 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 992:

```

10 AGTTCATCGT ATTCTTAATA CCTATATGCT ATCGTTCACA AACTTTTGTT CTTTCTTCC      60
   AACATACCGC CTATAATGCT CAAAAAGAAA TCAGCAGTGG AACCACTACG TTCCCTACCG      120
15 CTTTATCATT TTCAGGCTTA AATATTTTAA AAATTTTGTT AGGAATCCGC TTAAAAAAC      180
   TCATATCTTC AAAAAAATG ACAAATTTA AATTTTGA TAACATCATT TTTTAGTAAA      240
   TGTATAATT TCTTTATAAT ACAAATATCG AAAGAAGGCG ACTGACTTTG AAAAAATTAT      300
20 GTTCATTAAT TGTAGGTAGC ATTAGTTTGT ATCCTTGCCA TTATCAGCTT GTGGnAAAGA      360
   ACnAACcAA A      371

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 993:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 530 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 993:

```

35 ATAATGATTT ATCAATCGAT GTTAGATGCG GTTCAATTAT ATCCTAAGTC TATCGTGGTT      60
   GATTATACTG TGGATGGACA ATACaAAAAT GATTGTCACT ATTCGGTCA ATCATCGATC      120
   AACATTGCCG ATTGGGCTCA AAACAATAAT TATTATCCTA ACCTGATATA TCGGATTCAA      180
40 CAGACTCTTG ATTTAATACA TTATTACTCT GTAGAAACGA TTTTCGATTT AGCTTTATTG      240
   ACACTTCTGA AAGGTGATTT ATCAATCGAT GGTCAATGTCG TTTTGTGATTT TAAAGCCCCT      300
   ATAGCAACAA GTGCTTCAAT ATGGGAAACT ATTAAACTA TTGAAGATTT TGATATGATG      360
45 TCcAGTTTTt TTGAtAAAtG GCTTATATtG ATCATCATCC TATACCTTTT CGCAACCTTT      420
   TTATCGAGGA TTCAGAACAA CTTAATTTCG CAGATAATTG GTTGTATTCT ACCAAGTTTA      480
50 TGCTACCTAA ATGGGnTATA TAAATAAGC AAAGCAACGT GCTGATAACA      530

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 994:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 551 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 994:

	TATTGGATTn TnCCACCAA AGGCAACGGT TCCTTTTCTA ATTCTAATAA TCAAATCCCC	60
10	ATTAATATCA ATCCCACTCA AATTCTTTCA CATCATTGAG TATAAAATAA TATGGTGATA	120
	TACGTTGAAG TTGATTnTCT TATTTAAGTA TACTCCAACA GTATTTTATA AAATTATTTA	180
	GTCATCATCT TCAGTGTTTA ATTCAAAAAT ATAGAATCTA CTGTATTGCA TAATAAATTG	240
15	AAATGCCACA AATTGTGTAC AAGCAATAAT AATGATACTT ACCATTATGA CAAACTTGGA	300
	TTCTACGACA TTGGGCACCA ATATATATTC GATAATTCTT TCAATATATA TAAATGCGCT	360
	CAACGCGGTT AATAATAAAC CGAAATGTGT TTTaGTTTta CCACCCCAAC GTTTTGTYAC	420
20	TTTAGGTAAT TTTAATAACG TGAACATTCC GCCAATTACT AATAACAAAT AACTAATTAT	480
	GATTGAAATC GTACCCATCA ACCAATAATT GAATAGGTCA TAATGATTTT GTACAGCAAC	540
25	AAAATAATAA A	551

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 995:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

	(A) LENGTH: 729 base pairs
30	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 995:

	ATTTCGCCACC ATTAGGTAGT GGAACACGAA CTTTCATCATC TAAACCTTTA CCAATTAACG	60
	CTTTAGCCAT TGGTGATTCA TTTGAAATCT TACCATTAAA TGCATCTGAT TCAGCTGAAC	120
40	CAACGATTTG ATAACCTTCC TCTTCATCAC CTGGTAATTC TACAAACGTT ACTGTTTTAC	180
	CAATTTTAAC AACGTTGTTA TCTCCAGTAT CTTCAATGAT TAATGCATTT CTTAACATAT	240
45	GCTCAATTCT TTGAATATCT TGTTGATGA ATCCTTGTTT ATCTTTTGCT GCATCATACT	300
	CAGAGTTCTC TGATAAGTCA CCAAATGAAC GTGCAACTTT AATTTTCTCT ACAACTTCAG	360
	GACGCTTAAC TGTTTTTAAT TCTTCAAGTT CACGCTCTAA TTTTCAAAA CCTTCTTGAG	420
50	TCATTGGATA TTGCTTTTGA TTTTCCATAT TGTTCATCTC CTTTACTGAA TTATACTATT	480
	GCTTGCTAAC TAAAGACTGA ATTTTGTGTT TCATAATATC TATTGCAACT TTATTGCTCC	540
55	CACCTTCAGG AATAATTATA TCAGCATATT TCTTAGTCGG TTCAATAAAT TGGTCATGCA	600

TTAGTATCTC GTGTTGAAAC GGCCTAATAT nCTCAAGTCT GGCATCTGTA TCAACATATA 720  
TnTTnAACA 729

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 996:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 325 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 996:

GACAAATATA CTGCTTCTAC TCAAATATTA GTGAACATGA AAAAGTCCTC AAGTGATTTA 60  
GCTTTCCCAA AATGTTCAAA GTAGTTTGCA GTCTGTTAAT ACATATACGG AnATTATCAA 120  
AAGTCCTAGA TTCTAGATAA AGTATCTAGA GAATTGATGG TCAGTATTCA ACAGCTGAGT 180  
GAAATCATT TAAAAGTAAC CATCCAACCA ACTCTCAAAT TATTACTGTA CAGTTACACT 240  
GGGATAATCT GATCTGACAA ATGTATAAAT ACTAAGTTTT GCCAGCAGCT AAATAGAGGT 300  
GTATGTACGA CTTCCAnCTG TAGnG 325

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 997:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 271 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 997:

CTTCAGTTGT CGGCAAATCT TCTATATTGG AAATACCama TACATTTAAA AATAAATCAG 60  
TAGTAATTAA CTGTTGGCTA CGCTGTTTCAAT TAACCACTTT AGCCTCAACT AGTCCTTTGG 120  
CAATCAATGT CTTAACTGCA CCATCTGAAT TGAtACTACG AATTAATTCA ATATCACTTC 180  
TTGATAATGG CTGGTTATAA GCAATAATTG gATAGTACTT CCATTGCTGC TTGTGAtAAT 240  
TTCATTTGTG aCTTTTGTTT AATTGAATTG T 271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 998:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 498 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 998:

TTTATGTGCT AATTTGTAAT TGAGATTCAT AATGGTATTT AAATCATTAT GGTGCGGGAG 60  
 5 TTATGGTATT GCCATAATAT GAGAGTGCAT CCACTTCTAT AAGTAATGCA TATTGCGAGT 120  
 GCAGGaATGA ATGAGTGCTT GATTAAAATC CTTATGGGTG GTTGACATAA TTAAAAGAAA 180  
 CCACATTTAA AATTTCTTAA TCACAAGCGG TTAAC TAGGT ATAGTTTAGT TTTGAGTAAA 240  
 10 TCTTTTAAA GGTGTACTTG TGCATTTTAC TTAATTAAAG ACATAAGACA TTTAATCGGC 300  
 CTAAAATAAA TAAAAAACTA CCTGTTTAGG TAGTTTTTTT AATGTAATAG ATTAAAACAC 360  
 15 TAGTTCATTT CTTATTAAAG ATGGATAGTT ATTTTATAGA TAAATTTGTC CTTTAGTGTA 420  
 GCGGTAAATTT TTAGGACTTT TTGGTGnAA AAATGTTCTT AATAAAAGTA ATAGTCCTAC 480  
 TTTACCGCCA AAGCCATA 498

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 999:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 568 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 999:

TGAGCTGGTT GTTTATTATC ATCAGTTTTT TTCTGATTAT CATCTGATTT ATCTTGAGAT 60  
 GCTTTGTCAT CCTTATCTTT CGACTCATCC TTTGATGCTT TATCATCATT CTCTTCTTTA 120  
 35 GCAGGACGTT GCTTTGTAGG TGCTTGTTGC TGAGGTGGCA CATATTGATA TTGATTCTGC 180  
 TGTGGCAATT GCTGATATTG GTTTGCTTGT GAATCTAGCT CATCTGCTC TTTTCTCTCT 240  
 TGTGCTTTT TCTTCTCTC TTTTCTGCA TTTTCTTTT GACGCTTTTC TTTTGTTC 300  
 40 TGCTTTTGTT CGTTCAACAT ACGTTCTTTA GCTTTATTCG AATGATCTAC ATATGCAAAA 360  
 ATTGCAAATA CTAATCCTCC GAGTAATAGC AATACCGTCG CAATGCTAAC TACTTTCGCT 420  
 GTTGACTCA TTTTCTTCTT ACTTCCATCT TCATTTTAT TGTAGTCGTA ATTTTGATTC 480  
 45 GACATACTCT CCCTCACTT AACTAATTT AAATATAGAA ATTATCACGC AAcCATTAAAC 540  
 ATTTTCACAA CTAATTTGCG ACCnAGTA 568

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1000:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1441 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1000:

5	AGTGTCTTCTA ATTGCAAAAT TCCAAATACA GTGTCGTTAT TTA	60
	CTTTTTTTT CATGCTAAAC	
	ATCTCCCAAT TAATAATCAC ATATTTAGCT ACTATACAAG TATTAACAAA	120
	CATCCCAACA	
	ATCCCAAAAC TTGTATGTGC TAACTTATGC ATAAACTAC AAGTGTAAT	180
	AAACTTGCTT	
10	TCTATTCAAT TGTCAAAGTT GAATAAAATT AAATAAGTAT AAAA	240
	ACCAAT AATCAATAGA	
	GTTAATATTT AGAAATAAGA TAATAGTACA TAAACAAAT CACTCTATTA	300
	CATATTAATT	
	TTATAATTTA TATACAAAGA AAATATATCA ATATTACCAT TAAATTGCAA	360
	CAATTCTACA	
15	TATATTTCTT CAAAAAGAT ACGCATTGAA TTTTATTAC ATATAACTCT	420
	CATGAAAATT	
	GATTAACTA AATTAATTAG TTAGCCTTAA ATTTAACAAA TTAAATCAA	480
	CCGAATGAGG	
	CTAAATTGGT TATTTTTCAA GATATGATTT GTATAAATCA AAACATTTCT	540
	TACAAATCAA	
20	ATGTGTATAA AATGTGATAT ACATTTTCAA CCTTAAAAA GTTCTAAAA	600
	AAGATGAGCA	
	TCTACTGTCT CATCTTTCAG TTCTTTTTTA CGGGTCTGTT TTCTAATTTG	660
	AGCACAACTCT	
	TCGATTTCTT TATCTAAATG ACTACCAATT AAATCTATTT CTTCTATTGT	720
	TAAATCGCTA	
25	TCTCCATCTT CTTTTATCTC TGGTATTATT TTTTCTCAA CTAAGTCACG	780
	ATATAGTGTT	
	TTTGAATTCT CGTTCAATTT CGATTCTGTA TTTTGAATAC TTTCTCCGC	840
	ACCAATGTAT	
	ATCTATTGGC ACTAGCTTCT ACTTTTGTAC CATCAATAAA AATTGAATTA	900
30	TCATCAATAA	
	GATTTTGCTT TAAACATTGA CTATAGAACT GAATAAATAA AGATTCAATT	960
	AACGCATCAG	
	TATTAGGATT CACTCTAAAA CGATTAATAG TTTTATAAGA AAGTGTTTGA	1020
	TCTTGGGCTA	
35	ACCACATCAT TCGAATACTG TCATGAAGTA ATTTCTCTAT TCTACGACCA	1080
	GAAAATACAG	
	ATTGAGTATA TGCATATAAG ATGATTTTTA ACATCATTTT TGGATGATAG	1140
	GATGTTGCAC	
	CACGATGATG TCTGAATTCA TCGAATTCGC TATCAGGTAT CGTTTCAACA	1200
	ATTTCAATTA	
40	CATATCGCGA AATATCATTT TGAGGAATTC TAACGAAGTT TCTATTGGTA	1260
	GTGTAAGTTG	
	GGGTCATGTT ATAATTTTTA TACATAAGGC ACCTCTTTAA TTTAGTTT	1320
	AG TAGTATTTAT	
	TAAATTATAC GaAGGGACCC AACACAGAAA ATTCATTTTA TTGAATTTA	1380
	CATTTATGTG	
45	CAAGTTGGGG AAAAATGTCT TATTTTTTCA AAGTATTTAA AAGTAAAATT	1440
	ACATGTTAAT	
	A	1441

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1001:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 587 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1001:

	TAATAATATC TGTCATATTA AGTCTCCCTC ATTAGAACTC ATTATAAATG AAGTTATTGT	60
10	GTGTGTCGCC ACTGCCATAA ATTAAATATA AAGTAATAAA TATTGCCAAA TACAATAGTG	120
	TTAATAAATA TGGTTTGAAT GCTTCAACAT ATTTATTAGG TGGCTGTTTA CTTTITAGATT	180
	TCATATTGCA CCTCTTAAAG TTCTTAGTAA AAACGCCTTT ATAAAGACCG TTCAATATAA	240
15	AATACGTTTT AAAATTTGTT TTTTACAATT CATTATATCG ATATTCATAA TGAAATTCAA	300
	TTTTAATTTT ATAGATTCAA CATAGTAATT GGTTGTCATC ACTCAAKTAT TGTAATGAT	360
	ACACTTTGTT GAGrACATCA TTCATTTTAA AGGTTATTTA AACAATAAAC AATTACAGTC	420
20	TATATAACAA TTTTGTTATA TACGTCAAAA TCAAATAAAC TCATCACATT AATATGACGA	480
	GTTTATAATG TTATTGAATT ATCATCAGCG CAAATATATA CATTGCAAG TCAAGCATAA	540
	CATATTTAAC AATTGCTTTG CTGTTTITA CCAATGGATT AAAAACC	587

25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1002:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 522 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

30

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1002:

	CAATTGTGTC ATAATTTTGC TGATGATAAC TAATCGTTTT GGAGTAGCTA TTTGATGAAG	60
	TTCGTCCAAT ACCTTTTGTG GAATCGAATT TACCACCTGA GCGTATATGA AAATGTACTG	120
40	TCTACTTTTG CAGTTGAAAT TTTATTTTTC GGCAATTGGT CTAATATTTT AGTTTTACGA	180
	TTTCTTTTTA CTGAAAATC TACATGGTAC TCACTTGGAT ACTTTAACCA ATTTGAATTT	240
	TTTTCTTCTT TATGAGATTC AAACTTTAAA TTTGAATGAA TTGAGCCTTG TTTTTTAACA	300
45	AGTAATACAT TCTTGTGATA AGTTGGATCA TCGATAAAGT CGAATTGTAA ATTTTGGAGT	360
	ATATTtGTwt TCTCATCATA TACTGTTTCA GTTCGTTTTG TGATTTTACC GTTTTTCCCA	420
	ATATCATCCG GTGCTGTTGA ATTTTTATCT TTATTAGTAA CATTACGTTG CTTTTGTGAn	480
50	CTTATCAACA TGTCTTCTAT TTGGCTGAnG CTTATGGnGA TT	522

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1003:

55

(A) LENGTH: 323 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1003:

10 TCTTTGTTTG AGACATAATG TCATGTAAAG TTTTCACAAT GCGTTCTTCA ACTTGTGCCC 60  
 TTGCCTCTCC TTTGAAAGGA ACAATTCGAT CTCCGAATAA GTCCTCAGGC TTGTATAGAT 120  
 TATCAAATAG ATAGACTGAC TCACCTTCAA ATATTCCAAA ATGCCATTCC TTCAGTCCCT 180  
 15 TAAAACGTTG ATACGATTGG wTAGGTGCAA CATTTTCAAG TGTGTCACTT GCGCGTTCTT 240  
 GCGTTGATGA TGCATATAAA TCGAAGTTTA TCCCCTTAGT TTCATAATAA CTACGTGCCT 300  
 TTnGAGCTTG AGCAATTCCA AGT 323

20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1004:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 320 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1004:

30 TTCTAACTTG ACGTGACTGG GCATTTCTGT GnAAATnTTC TGACATTCTT TTTAATATCC 60  
 GCAACGCAAT TGCTTCAGTT AAAGATTGnA ACTTGCAACA TTATTGGTA CGAAAAAGTC 120  
 35 AGTTTTAATG TCGATATAAG ATTTATTTTT TTTGTTATAT AGTTTCGCAA CTACATTTGG 180  
 TTGTCTTACT TGATCATATT TTGCAACCGT ATCGAATGCC GTCTTTTCAA ACAGCTTTAC 240  
 GAGATACGTA AACCATGACC CATCCATCGA AGTCCTTGGT AAAAACCAG GGTTCGGAA 300  
 40 GCCGTAGGGT TTGAAAGATA 320

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1005:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 305 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1005:

nATTAATGCT AGCCAAAACA GAnTTGCAAn ATGTAAAGAC ATGTGAAACC CTCCTTATAT 60

55

CGATATTTAT AAAAAATAAT ATTTCACTTA ACCAGTTTTT AGTTATCATT GCAATGGTAA 180  
 AGGATACGAT GAGTATCACA CCACAAATGA TAATACCAGG CAGGAGCCAA CATAAATCAT 240  
 5 CTAAATCTTT ATTATATGTG ATTAAATAT TAAAGATAAC AAAAGTGGTA GTAATAACTA 300  
 TATTG 305

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1006:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 334 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1006:

TTCAAGATAT CAGTATAAAT AAAAAGCTTAA TATGCTCATT ATAGACAGCT ATAACTATAT 60  
 TTTCTCGTCC CACTCTATAG AAATCAATTT CATTTATTAC CATTTTCTCT ATTTAAAAAC 120  
 ATATTTTTTG TATTAACAAT TAAAAGTGGG TATATATATT TAATGAACCA ATTTTTTAGG 180  
 25 AAAGTAGGGC TAAACCTATG GAAAATAAAT TATACCACAT GGTGTCCTCT TTTACCATGA 240  
 ACACAGTGAA TTAAAAAATA TTAAnCAAGG TATTGGGGAA GTAnCACCAG CATTAGGTCC 300  
 AATTGGTAGC CACCTTCCAA TCCATTGGGG GnAA 334

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1007:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 565 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1007:

AGAAAATTTG TTATATTAGA AGCGAATAAT TTTAAAACAT ATTATGAAAT GTAAGAAGAA 60  
 ATATTATGAA ACTAGGAAAA GTAGATTGTT GAAAATTCCA TACAATAGGn GAnGTAAAGT 120  
 45 GAATAAATTC TGGTATTACT AAAGCTATTG ATTGTCCTAA TTGTAATAAA AAGTTGGATA 180  
 GTGTAGTTGA GGGGAGAAAA ACTAAAATGC AAAAATATAT TCTCAATGGA TCATTATAAA 240  
 TACCAATTAG aTTAAAGTAT TGCGaACATT TACAATTAGa AATCAGTATT AATCTGCCAT 300  
 50 AGATAATTGT ATTAATGTAA AAmATAAAAT AGAATGAGAA TATACGGAAT TTTTTTATAC 360  
 ATTTATAACC AATTCTGTTA AACTGTGAAG AGTAGAGTTA AAAACGAACT TTTTGTATT 420

AATGATTGAA CGCTATTCTA GAGAAGAAAT GTCTAATATT TGGACTGATC AAAATCGCTA 540  
TGAAGCCATG GTTAGAAGTG GAAAT 565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1008:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1008:

CAACATTAGC GTCTAAACAA ATCTTTGACT AAACGTTTAC TTGAGCGACC ATCTTGATAT 60  
TTAAATGTT TATCTAAGAA TGGCACAACCT TTTTCAACCT CATAATCTTC ATTGTCCAAA 120  
GCATCCATTA ATGCATCAAA GGACTGTACA ATTTTACCTG GAACAAATGA TTCAAATGGT 180  
TCATAGAAAT CACGCGTCGT AATGTAATCT TCTAAGTCAA ATGCATAGAA AATCATCGGC 240  
TTTTTAAATA CTGCATATTC ATATATTAAA GATGAATAAT CACTAATCAA CAAGTCTGTA 300  
ACAAAGAGAA TATCGTTAAC TTCACGATGA TCTGACACAT CGATAAAGTA TyGTsTATGT 360  
TCACGTGAAA TAYyAAGTCy ATTtTTTACG AaCGGATGCA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1009:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1009:

TATTGTAAAA ACTGTGGTTC TTACAATGGC GAAGAAGTAG CAGCTAAATA ATTTTAGTTA 60  
CTCAATATAA AAaGTCCCGC TTAAAATGAT TGTTTTAAGT GGGACTTTTT ATATTGCGAA 120  
AAATAATTGG cGAACGAGGT AACTGGATAC CTCATCCGCC AATTAAAATT TGTTAATTTA 180  
ATAATTAAAT ATAAAGACGA TTTATTAGTT TTTACGTTTT CTAGGTAATA CGAATGCAAC 240  
GATGCTACTT AAAGCTAATA ATGCCATTAA TGGTAATGTC ATATCTnTAT TTGATTCTTC 300  
ACCAGTTTGT GGTAATGATT TTGCTTTATT TTCTTGTGTA TTTGTATTGT TTTGGCTTTG 360  
GAGTGTGTCC ATCATTTGTG TTTTAAATGT TTGCTTnTnG TAATGGAGCA CTAATCTTTT 420  
GCCTCGCTAG AACCTGCCGG AGGTTTGGAA CCAC 454

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1010:

```

10  GGTACAACAA CTTTAGACAA TGAAATATTA AAAGATACGG ATGATAAAAA GTCGAGTAAA      60
    ACTTTTGTG GCGGAACAAA AGTTGATGAC CAACATGCTA GTATCGGAAT GGATTTTGAA      120
    AATCAGGACA AAACTTTAAC TGCCAAAAAA TCATATTTCA TATTAAACGA TAAAATTGTC      180
15  TTCTTAGGAA CTGGCATTAA AAGTACTGAT TCATCAAAGG ATCCCAGTTA CCAACCGATG      240
    AAAATCCGCA AGCCGATGGG GAATACGGTA TTTTCCGGCC GTTAACCAAC CACCCATTCC      300
    GGTTATCCGG GAAACCATT C ATCCTTTTA GGAGnCnCCG GTnCCnAAAA GGACCTCGGG      360
20  TATCCTTTTT TTAACCAACC CGAAATTACT GGTAAAAAAG      400
  
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1011:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1011:

```

    TTAGGTATTC GCAAAAATGA TCTTCAATAT ATAGCTATGG CCAAAAGATG GGCTAAAGCT      60
35  TATACAATTA CTGTAGCAGT GGGAGTTGTT ACAGGTACAA TTATAGGACT TCAATTATCA      120
    TGATTTGGCC TACATTTATG GAAATGGGTG GACACGTATT GCACTTCCCT TATTATGGGA      180
    ACATTGCGGT CTCTTGAGC TATTTCTTAA GTATATATTA TATACTGGGA TCGTTTAAAA      240
40  TAATGGCACA TTCTTAATAG TATACCAGTA ATTATGGGGC CTCTCAGCA TCTCATACTC      300
    AGGAATCATT ATGAATACGC CTGCAGGTTT GAGTGAAGAT GGAAGTGGCC ATGTCACCTnT      360
    AGAGCGTGTT ACCCACGTTA AGTCGTCATT nCGAATACAC      400
  
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1012:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1012:

CTTTATGGGA TACTACTACAA ATCGAGACTA TAAGGTTTTT TATTTTATTT ATTATTACAT 60  
 5 TATCAATAGT TTTATAATCG AGCTTCAAAA CTTTAGAAAA TAGTAGAAAT AGCATTCAAT 120  
 ATAGTGCAAA AGTGCAAATT GATAACTTGA CACTTATCTC CTATAAACCG TACAATTAAT 180  
 TTGTATGATT TATATATAAT TTCATAAAGT CATATTGAAT TTCATATAAA GAGCAAACCC 240  
 10 TAGAAAAaGA GGTGTTGTGG AATTATTAAG CTCCTACTCA TTTGCGGGGT CATCTAGGGT 300  
 GTGGAGGATG TGTGCCGAAT TGTGCTCAAA nATCCCAGCA GCAACGCGAG TTGAACAGCC 360  
 TAAGACGCAA CAAAGGATCT GnnAAGGACC ATCAGGCACG 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1013:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 353 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1013:

GTCGTGCTG ATACCACGCC AGTATTGGTT TTAAATGATA AAAAAATCTG TGAGATTGCA 60  
 TCATTGAGAC AAACATCGCT ATTTGAAATG GCCGAATATA TAGGGTTTAG CGAGCCACAG 120  
 30 AAATTAGTAC AATTATTTAT TAACCATGAT AGGAAGGTGA GACGCCAATG AATCAATATA 180  
 ATACTATAGG TTTTCACCCG GGAAATAGTC GTATTCATCA ATTAAATGCG ACTGTAAAC 240  
 TTTTATnCTT ATTAGTTGTT CTATTCTGCA ATGGTnCTAT GCACAGGTAT TnATTTAATT 300  
 35 AGGCTCACAT TTATGGGCAA TTCTCAATGA TGAACAGTCG TTGTGTAATC TCG 353

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1014:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 627 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1014:

CAAAGCCTTC AACAAATAAT CTTTATTAG TACTGATTGG TTGCACAACA TAAGTTACAC 60  
 50 CAGGTTCATC TTAAATGTA ACTTCCTTAT AGAAGAGACC TTTTTTAGCA CTATACTCTG 120  
 TTTTCTCTGA TTTAATTTTA TCTTTTAGAT TTTTCTCTTC CAAGTAACTG TCAATTAGTT 180

ATGAAATAAA TAATATAATG ATAACTTTAA TCGCGTTTTt TTTCTTCTTC ATTATGTAAC 300  
 TCCTTTTTGC TTATCTATTC AGTATGAACG AATCAATTTA TTTAATAAAG AGTTTTTACC 360  
 5 AGATTGTAAC AAATTTTTTT ATTCTCAATA TTATTATAGA AATCGAATTA CATACACGAT 420  
 GCTTTTAAAA AATTTAATAA CAAATTTTAT TTTACTATCT ATCAAAATAA TTGACTACTT 480  
 TTAACAATTA AGGATGATAC AATTACATTT TTTTCAATTT AAAAAATCAG TCATATCAGT 540  
 10 AATTACCGAT GAAAATACTA AGATATCGAT ATATTTTGCA TTATTTAACA TTTAAATTCn 600  
 ATTATAGACA ATTCAATAAT TGCGATG 627

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1015:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 462 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1015:

TAGTGTGACA TTAACACTGG AACAAAAAGA AGCTGCAATT GCAGAAGTTA ATAAGCTTAA 60  
 25 ACAACAAGCA ATTGATCATG TTAACAATGC ACCTGATGTT CATTGAGTTG AAGAAATTCA 120  
 ACAACAAGAA CAAGCGCATA TTGAACAATT TAATCCAGAA CAATTTACGA TTGAACAAGC 180  
 30 AAAATCAAAT GCAATTAAAT CGATTGAAGA TGCAATTCAA CATATGATTG ATGAAATCAA 240  
 AGCTCGTACT GATCTAACAG ATAAAGAGAA GCAAGAAGCT ATTGCTAAGT TAAATCAATT 300  
 AAAAGAACAA GCAATTCAAG CGATTCAACG TGCGCAAAGC ATCGATGAAA TAAGTGAGCA 360  
 35 ATTGGAACAA TTAAAGCTC AAATGAAAGC AGCTAATCCA ACAGCAAAAG AACTAGCTAA 420  
 ACGCAAGCAA GAAGCTATTA GTAGAATTAA AGACTTTTCA AA 462

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1016:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 235 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1016:

TGATTGGTCC CATCGACTCG TTATAACAAA TTGAAGGTAC AAAAGTATCT TGTGATTTAA 60  
 50 TAAATTCAAG TAAATTCGTA CCTGGTTCTA CAAGGTAATT CTTTCCATC AAGTGTAACC 120

ATAAATTGCG CATATCCACC nAAAATAACG ATGCCCCACA CATCTTTCAG ATAGG

235

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1017:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 227 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1017:

GTTGAAAAC	ATAAGATCA	nATAAAGGTAA	AACAGTGGTT	TGTGTCATTA	GTGGTGGTAA	60
TAATGATATT	AATCGAATGA	AAGAAATTGA	AGAACGTTCA	TTACTATACG	AGGAAATGAA	120
GCATTACTTT	ATCTTAAATT	TCCCTCAACG	TCCAGGTGCA	TTGAGAGAAT	TTGTAAATGA	180
CGTATTAGGA	CCTCAAGACG	ATATTACTAA	ATTGAATAC	TTAAAAT		227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1018:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 284 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1018:

GTCTTACTTG	CACAAGGTAT	TATTTCTATC	TTACTCGTTG	CTTTCGCAAT	CATGCTATAT	60
ATCATTAAATA	TTTtagatgc	ATATCGTAAT	GCTGAACGAT	TTAATCGCAA	TGAGGAAATA	120
AAGGATCCGA	AGCGCGTATG	GTGGCACATG	GGACAAGACG	TTCCCATACT	TACTAATCTC	180
ACCAGGTACA	TnCTTATTGA	TATTGTAGTG	TAATTCCATT	ATATTATGTT	GGAGTAGCAT	240
TACAATACAA	TTATACACGC	GCCTCGAGAC	nACATAGATG	GGTG		284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1019:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 779 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1019:

CAATCATCAC	ACATAAATGT	TCGAATAGGA	TTGTTTTTAA	GTGTTTAGA	CTCAGTTGTG	60
------------	------------	------------	------------	-----------	------------	----

CACCTCAATA TGAGTTACAT GGTGATTCG ATATGAATAA CCATCTTCTT GATTGTAAAT 180  
 AAAACTATCT ACACCATTAT CGCTGTAAAG TCGTTTACCG TCTTTTGCAA ATTGGAAAAA 240  
 5 TAAATAGGGT AATAGATCTA TCGGTATATC TAAATGATCA TGCTCATTG ATAATCGAAT 300  
 AGTAGTTGCA GAGTCATGTG GTTCGGAATG TTTGAAAAAT GGTGTCATAT TAATGACAAA 360  
 TGAACCTTCT AACATGGCAC GTTTTTTATA TTTTATTCT GAATTTAAAG TAGGCGGATT 420  
 10 AGTTTGTCTT TCTAGGATAG CaCGATTCCa TTCaTGaTTA TCTTCAAAGT CGATTGGTTT 480  
 TGAACCATCa AATACACCTT TTTCTAAATC TTCGATGCTA ACTTTTCTAT CATCGAAAAT 540  
 CCAAGTCGTA CTATCTAATG TTATAGGAAA CTTTACGGCT CCTTTAATTT GTATCATTTT 600  
 15 CCCACTCCCT ATCAATGTAT ATAGCATTAT TTTAACACAA ATTGCTAACG ACACATTTTA 660  
 AATCTACTTG CTTTTTAATA TTTAGTAAGA TAAACTTTTA GTAAGACTTG AGAATTTATA 720  
 20 TAGAGGGGGA GCGTGTCTAG GCGAAACAAG CAACAATGAA AAATGCAGCT TTGAAACAA 779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1020:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 950 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1020:

TTAATGGTCC ATTAAGAATA ATGGCAGAAA ACCGTTTGCA TAAATCAAAC CTTGATTCAC 60  
 TAACTTAAGT AATACTCGCT TTTCnTAAAT CCTTTAGAAA GGAACATnT ATCATGATTA 120  
 35 CTTCAATCAG ACATTCTGAA GATATAGATA AACATATTAT AAAACACCA TTAGATCATA 180  
 CAGCGTCATG GATTAATGTA GTAGAnCCAG ACCGAGAAGA AATTGAAAAT CTTATGGAAC 240  
 40 AATATAATAT ACCTGAAGAC TTTATACGTG ACCCTTTGGA CTCAGAAGAA AGTCCCCGTA 300  
 TTGAATATGA CGAAGATACT GGTTACTCAT TAATCATTAT TGATTACCT ATCGTCAATT 360  
 CAACTAATCG TAGCGTTCTA TCTTTTGTA CGATTCCATT AGGCATTATT ATTGGCAACG 420  
 45 GTATTATCGT AACAGTTTGT GACGCTGAAA ATGAATTTTT AGAAAATTTA CCTAAGCGTG 480  
 ATATTAAATTT AAAATTTTAC AGCAGATTG CATTAGAAAT TTAACTACT ATTGCCGACC 540  
 ATTATAATCG TAACTTACGA TTACTTAATA AAAGTAGAAT TCGTATTGAG AAAGAACTAA 600  
 50 AAAATAACAT TACTAACAAA CAACTTTTCA AATTAATGGA AGTTGAAAAA AGTTTAGTAT 660  
 ACTTTTTAGC TGCCTtAAAA GGTAACGATA CAATTATTAA AAAGTTATTC CGTTTACCTG 720

AAGCCATCGA AACAAACAGAA TTACATCAAC GTATCTTAGA AAGTATCACA ACATCATACG 840  
 CTTCCCTTATT ATCTAATGAT ATGAATACGA TTATGAAGAC ATTAACACTT TTCACGGTAC 900  
 5 TATTAACgTT ACCAAyAcTc GTATTTAGTT TCTTCGGTAT GAATGTGTCG 950

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1021:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 528 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1021:

AATATATAAA ATGAATACAT TGTGAGGCAA TTATCAAATG AAATTTAATA AAGTAAAACT 60  
 20 AGTTATACAT GCGTGTGTAC TATTATTTTAT CATTATTTTCT ATAGCGTTAA TTTTTCATCG 120  
 ATTACAGACG AAGACACATT CTATAGACCC AATACATAAG GAAACAAAAT TATCAGACAA 180  
 TGAAAAATAT TTAGTGGATC GTAATAAGGA AAAGGTTGCG CCGTCTAAAC TAAAAGAGGT 240  
 25 ATATAATAGC AAGGATCCTA AATATAAGAA AATTGACAAG TATTTACAAA GTTCATTATT 300  
 TAACGGTTCA GTAGCTATAT ATGAAAATGG CAAATTGAAA aTGAGTAAaG GTtATGGaTA 360  
 TCAAGaTTTT GAAAAAGGTa TTAAAAaCAC ACCGAaTACG aTGTTTTtAA TnGGTTCAGC 420  
 30 TCAAAAATTT TCAACAGGGT TACTGTtAAA ACAGTTAGAA GAAGAACATA AAATAAATAT 480  
 CAATGATCCA GTAAGTAAAT ACCTTCCATG GTTTAAAACA TCTAAGCC 528

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1022:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 713 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1022:

GCATTnCGGT TAAAgTAkGt TTCAGCTTCT CTCaTTTTAG AAGTACCGaA AAtTGgTTGG 60  
 45 TTAtCTGGAT TTAATrTcAC GATAAATATT GCTTACTTTG TTACTTTGTr AAATGTACCC 120  
 ATTACGAGTC TCAATGTTAT TCCAATAAAT ATCACTTGTT GGTGCATGGT TTGGATATGC 180  
 50 ACAATGATTT CTTGAAATTG TTTGAACGAT TTCTAATGGA TCACAGCCAA ATGTACTGTT 240  
 TAATACTTCA GAGTCTCTGA ATAATGCACA AAntGAAATA CAAGTTGTCC AGTTTGGTAA 300

AGTATCTTGC GTATAACCAG CCTCTATACG AACCATTTTA AATTTTGTTT GAATTAAATC 420  
 TGTAAACTC TGTCTATCCA TTCTGTTATC TACCTTTCTG TTTGGGGAAT TTTATCCGGA 480  
 5 CACAAGAAAT TGCAATAATA CACATTTCTT GAAACACAGA TTACATCTTA ATATATTTTT 540  
 AATAAAATGA AAAGAGTCAA TTTCACATTT GTATTAAATT TTGATCAAGT CAACAAGAGT 600  
 TAAGTTTACT TTATAATGAA GCGAAAGTAA ATGAAGTAAA ATTTTATGCA TAATCACTAG 660  
 10 ATTTGATAAA ACTTACACTT TTATAATGAT ATCAAATTTA CAAaGGAAAA CTG 713

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1023:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 570 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1023:

AATAAAATAG AAATGATTAT GGGTACAATT ATCGCTATCA TATCCTTGTT ATTAATTATA 60  
 25 TTACAAGCAT TTAATATTAC TTGGGGCGTT ATACCAATTAA CAAATTTTGG ACATCAATTT 120  
 TTCTTTTTTCA TTGGTATTAT TTTAGTAATT GCCGGCATAT TTTwyAAGCG ACTtGAGTTT 180  
 TCGGGaATcG GGTATTATT TTGTcAAAAA ACCGTCGATG CAATGATTCA TAATCCACAA 240  
 30 TCAGCCCAGA TTTTTTCATT AATTATATGG ATATTATTAG TAGTTCTAGT TATATATTTT 300  
 ACAATTAGAT TATCTTCACG TACAAGATTA TAAATATGAT AAAACTATTC ACTTGaTTAA 360  
 TTGTATTAAT TGaGATGaAT AGTTTTTTTAA TTGTTGGAAT AACTTTTGGT AATTTATAAA 420  
 35 TAATTTAAAA AAATTGTTTA TAAAaGGAAG CGTATATAGA ATGAAGGTTG GGTATATAGT 480  
 TTATTGAGGG AGGTGTCACA ATGAATAAAG TCACAaTTAA TCCTCAAATC CAATTAACCTT 540  
 40 ATCAAATTGA AGGTAAAGGG GATCCTATAn 570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1024:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 487 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1024:

CTTTGTTGTG CTTGAGCATT ATTAAAAAGA GTATTTAAAT TTAGTTGTTG GTTTGTAATA 60

TCAGAATTAT TAACACTATA TTTCCCTTTA AATAATGGTG ATTGGrAATA ATGCTTATCT 180  
 TTATCTGCAG CTAAGTGGAA TTKCCCTAAT GCAGAGTCTG CGATTGTTGG TTCAAGATTA 240  
 5 ATCATTGATT TCTCTTTTTT AGGATCATGT CCATATGACA tGTaATTTTC GATGCATTAA 300  
 CAACAGATTT AkGAATGCCA AGCCCTTTAA CAATTTTCATC TGATGCATCT GCGCTTAATn 360  
 CTAATGAAGA TAAAAACGAt TAAtCTTTCAT CkKTTCTTGG AACTTCACtT CATTTTCAAA 420  
 10 ACGGTCATTA AAATAATCTT TATACATTTT TGCTGTTTGT TGTTCACtTT TTAGGTATGT 480  
 ATTTTTC 487

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1025:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 364 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1025:

25 ATATGTTATA AACAAATTTA CAGTTGTATC ATCTACTCGT TCTATTCTCA TATCATCTCA 60  
 CTCCTTACAG TCGATGAATA GTATCCACAT TGTATTAAAG CATCAAACAA AATACAATTT 120  
 ATTTGTTTGA TTTCTTTCTC TAAAmTATTT TGGTAACTTA TAATAACATA TTCGTTGTAG 180  
 30 CAAAACtATT TAAATGATTT ATACAGTTAA AGCATTAAG CACTTTCTTA ATTTAATTTT 240  
 ACCTTATCAT AGCAAATGTT TCATCCAAAA CACTCTAATA TAGAGCTATA TTAACAATTG 300  
 35 CACATTTGAt TTAAAAGATA CTAAGCAATT ATTGtAAAAT TAAAACCAA AAaGCAACAC 360  
 TATA 364

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1026:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 333 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1026:

50 TGCCCCAGGG GAGTACnAAA AAAAAGnGGG GTGGGGAATT GGAAACCGGA ATTAGTGGTT 60  
 AAAGGGGTTT ATTGGATGTT GGGTCTAAAG TATTCCAGA AATTTATCCA TCnATGATTG 120  
 CTTTAGCCAA GTTTTTTTCC AACCCATCTT TATGGAATTT AGTTATCTCA ATTACATTAA 180

CTTATATAAA AATGGCACAA TTATTTTCATG TACCAACAAG AACAATATTA ATACGTCATT 300  
 TAACACCTAA AATTATACCG GCTATTATCG TTG 333

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1027:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 450 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1027:

TGTTCCATTC GTTTAAATAA TGGTGATACT GTACCAGTAT CGAGTGCTAA TTCAGTTACG 60  
 ACTTTCTTGA CGTTTACAGG AGATTCATCC CATAAAATTG TTAAGACAAG AAATTGTGGG 120  
 TATGTTAGAT TGTACTTCTT AAAAAGTTTG TTAGAGTAGT AGCGATTAAAC TTGTCTTTGA 180  
 GCATTGTACA AACTAAAGCA TAGCTGTTCT TTTAAATTAT GTTGATCAGA CATTAAAGTT 240  
 CTCCTCCAGA CATACTATCC GTTTTnTCT CTTTTCGGAT TGGTAATCAT TAAAAAGTTG 300  
 ATTGTTTATT AATTCACAAC TTTCTTTGAT TCAATGCCAT GcNAAAATTA AAGTATGTTT 360  
 AAAGTTTAGA AGATATTTTT GATTAAATCA AGCAAAAAGA TAATTTAATA TATATGTGAT 420  
 CATTTTAAA AATAACTGTh ATAGAAAAGA 450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1028:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 535 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1028:

TGCATCTATA CCTAGAACTT TAATTTTCGGA TTTTATTGCG TCTGTAATAT CTTTAATACC 60  
 ACTTTTCGATA GGGAACTTT CGTCACCTTC AACATATTTA ATACCAAAGC CACCACCAAG 120  
 GTTTAATAAT TCAACTTGAA TGCCTTGctC TTTaAGCCAA CGTAAmCAA TTTTAGCaGT 180  
 TTCAATAAAat GCTTCTGTAC CTTCAAtCTG TGrACCaATA TGACAATGTA CACCTTTTAA 240  
 TTTTAAGTGT TTAGATTGTT GGACTTTGTC AATTGCTTTT TTAGCTAAGC CATATTGaAT 300  
 TGaTAATCCA AACTTACTAT CTTCTTGCCC AGTTTGaATA AATTCgTGTG TATGTGCTTC 360  
 aACACCTGGa TTAACCTGTA AtACAACCTG aACCGTATCA TTAGCATAGC GGTCTATTAA 420

AATTTTCATGT TTCGTTTTAT TGTACCATG GAAATGGATG CGACTCGGTT CAAAA

535

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1029:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 359 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1029:

GAAGATGATT GAATTATGGA ATTTTTTTTCG AGATATGTTA TTTCGGGGAT CAGATTTTGC	60
GATTTTGCCT TGGATAGAGT AGTTGCGATT TGTAATACG TTTTCAGGT TCGATTCAAT	120
TTCGTTGTTA AGATAATATG GATTAGTTTC ACTGACATGT TGATGCATGT CTTTTTGT	180
CTGATAAGT ATAAAAATGTT TACTTAACAT TACTTAGTAT GACACCTGCT AATTCAAACA	240
TTATTTGAGA CATTCTTTTC AAATTAATTA TAAATTTTTC CcATAGACT AGTTTGATAT	300
TTATCTACAT CTCAAATTC TCATCAACAA TCTGTCACAT CCAACATTTT TACTTnAGT	359

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1030:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 341 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1030:

TACATTGGTA AATAATTCTC ATAGTTTATG TCTCGTTGAT TAATCCAATC ATTGTTTTTA	60
TCGGGTAAAA CATTCAAAC TTTCAAATTC ACAATTGATT GATGTTTCAT TAAAGTATCT	120
AATTTTTGCT CTCTAGTTAA ATATTCACCA ATGTCATTAT AATAGATATC GTGATTGTAA	180
CTTCCATCTT TAACTAAAAT AGATATAGCT ATCGGTGCTC TACTTCCTGA TCCAAATATT	240
TTTCCACCTT CTTTTCTTga TTTTTCACCC TGTGTTGTT GGTGCGCTCT CAAATTAATT	300
ATGtACAGaT AGTTAAATTC ATCGaTAAAA CTTTTCTAAA T	341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1031:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 326 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1031:

GTCTAACTTT AATGTTTAAA AAnCTTAGAA ATTTTCTACT CATAAATGGA TGCTTTATGG 60  
 5 AATATTATTA ACAGGCCAG CTTCAATGCT AGCTATAGAA TTTGGATGGT TCTTAACAGA 120  
 GATGGGTAGA CAGCCTTGA TTGTTCGTGG TTATATGCGC GTGGCAGAAG CAGCAACACA 180  
 GCAGCGGAAT AACCTTCGTT ACAATTTTAT TTGGCATATG TACATCATTT AAGTATACAG 240  
 10 TGCAACGTAT ATCGTAGTTA AAATAACCGC GTAGAGAGTA ACGTAGCAGA GCAGAGGAAT 300  
 GAAAnATTAG CTTATGnAAC GGTAGG 326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1032:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 263 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1032:

25 ACAATCAGGC TTGTGAAGAA TGAATTGCAT GACGTTGTG TAATTGAACT GCGAGGTTTA 60  
 ATTTCTAAAA TGCTCCAGnC CTCCAATGTA ATCGCATCTT GATATAACAT AGCGATCGCT 120  
 TGATTTGTGCG TTGTATCAAC ACCTCTAAAC AACGTTTCAC CTATTCGGCA ATTCATTTAT 180  
 30 TTTACCCAAA TCATTATATA AAAGTTGTGG TAACATGCTC GAAATACCAC CTGAAATAAT 240  
 nTCAATCGAT ATCCTATTTC TCT 263

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1033:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 514 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1033:

45 TTTCTATAGA GGATCCTGTA GAGATGCAA TTCCTGGTAT CGTCCAAAT AATGTGAATG 60  
 ATAAAGCTGG CATAAACTAT GTAAATTCGT TTAAAGCTAT TTTAAGATGT GATCCTGATG 120  
 TTATTTTAAT AGGTGAAATC AGAGATAAAG ATGTTGCCAA GTGTGTTATA CAGGCTAGTT 180  
 50 TAAGTGGTCA CTTGTCTCTG ACTACATTGC ATGCAACTGA TTGTAAAGGT GCTATTTTAA 240  
 GGCTATTAGA AATGGGCATT TCTGTACAAG AATTGATACA GGCAACTAAC TTAATTATAA 300

AGCAACAACCT CCGATATTTT TTTTCCCaTA ATCATtCATT ACCATCATCA TTTAAGAACT 420  
 TAGAAGATAA ACTTGATGAT ATGACAAAAG CAGGTGTCAT TTGTGAACT ACAATGCATA 480  
 5 AATACATTTA AACTACATTC TAAGAAGCGA CAAT 514

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1034:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 598 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1034:

TTTTTCACGA ACATTTTTGT TTAAAATTTT CTTTCTTAAA CGTATACTTT CTGGTGTAAC 60  
 20 CTCAACAAGT TCATCATCAT TAATGAATTG TAACGCTTCT TCCAATGTGA GAATACGCGG 120  
 TCTATTCATT GTTTGTGTTT GGTCTTTCGT TGCAGAACGT ACGTTAGTTT GATGTTTTGT 180  
 TTTAGTGATG TTAACAGTTA AATCATTTTC ACGATTATGT TCACCAACAA TCATACCTTC 240  
 25 ATAAACTTCA GTACCAGGTT CCATGAAGTT TACACCTCTA TCTTCAAGTC CCAAAATGGc 300  
 ATAAGTACTT GCAGAACCTT GATCCATTGA AATTAATGCA CCATTACGAC GACCGCCAAT 360  
 TTGTGCTTTA ATACGTGGTC TAAATTCyTC aAATGTATGG TTAATAATAC CGTAACCTCT 420  
 30 TGTCATTGAC ATAAATTCAG TCGTATAACC AATCATACCA CGAGCCGGTA CATTAAAGAT 480  
 TAAACGTGTA AGTCCATTAT CAGTTGTAGT CaTATCAACC ATTTACCTT TaCGTGcACC 540  
 35 TAAkGATTCa ATAACAGCAC CTGcATTTtC TTGTGGCACT TCACATTGCA CACGTTCA 598

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1035:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 313 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1035:

AAACAGTGCT TCATTATCGG TATTGATATT GATCCACAAG CCGTTGACCT AGGGCGCACA 60  
 ATCGTAAACG TCTTAGCACC AAATGAAGAT ATAACAATTA CGGATCAAAA GGTATCTGAA 120  
 50 CTTAAAGATA TCAAAGATGT GACGCATATC ATATTCAGCT CGACAATTCC TTTAAGTACC 180  
 AGCATTTAGA AGGAATTATA TGAntTAACC AATGAAAATG TCCGTAGTGC CATGCGCCTT 240

AAGTGGGCCA TGT

313

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1036:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 235 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1036:

AATAATGAGT AGGTTTTGAT TACTTACGAG ATAACATGGT GAATTATTCT GAAGATAGAC 60  
 TAATGCGTCC ATTACATTTT GCAATCATTG ATGAGGTTGA CTCAATTTTA AATCnACGAG 120  
 GnCGACGCCA TTAATTATTT CTGGTGAAC T GAAAAGTCAA CGTCACTTTA TACACAAGCA 180  
 AATGTTTTTG CGAAAATGTT AAAACAGGAC GAAGATTATA AATACGATGA AAAAC 235

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1037:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 263 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1037:

nCAATATACC TCCTATCATC ACACAAAATG CGTTGTTTCG TATGATTTTC TCAACATCGT 60  
 AGACTAATGC AATCAGACAC AACACCATGC TCTATATCCA ATATTTGCTT TATTGCCTAT 120  
 CAATGAGCGT ACTGCGTGCT TTAAATAAT CATCATCAAT TAATGACTGT ACAGGCACCT 180  
 CATGAAAATT ATCATCCGCC AAGTATTGCG CACGATCACT ATATGCTAAA TGCATCGCTT 240  
 GTATCAnATG ATGCAAGTAA TCA 263

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1038:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 218 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1038:

ATTGTACCTG GCACAATCTC ATTATGTATT GGATTATCAT CATTACGAGC GCCAAATATT 60

ACCGTTATGA CATGTTGATC ATTTTtAGTn AATGTTAAAG CTATAACGTG TGATATTGCG 180  
 AGTCTGTCGG CATTCAATAT CTTChAAAATG CCCTACAT 218

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1039:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 396 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1039:

GTTTAGACGC TAATGnTGGC ATATATTACT TGCCATGCAA ATGAGTCATA AGGCATAGTT 60  
 TTCAAGAAGG GTTCTGACAA TGAAGTGAGC AACATGTCAT GATGAGAAGC AGGACTATAC 120  
 AATGAGAATA ACCTTTTtGAT TTTTCATGCA TAAGGCGATT CAATCAAAAAG CAATCACCTT 180  
 CCAACTGAAT TGTCATTTTG TAAAATAAAA TAATCGATCC AATCGTTATC TAATTCATAA 240  
 ATGTGTAAAC ACATACGTTA TGAATGGATA ACGATTTTTT GTTATGTAA AGTGGTACAT 300  
 TAATCATGTA TTTCGTATGA TAATTAACGA CAAGTGTAAT GGTAAATGT ATTTTATGGA 360  
 TGGAAATGCh ATAATAGGCC TGGGTTACCA TGGnGC 396

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1040:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1040:

AGCATTTTGT TTAAAAGCTG ATGAAGCAAT AATAAACTCT TCATATCCTC TGTCCATTAC 60  
 AATTTGACCT TGATATACAA TTTCTTTAAA GTTTTCGATT TCTTTAAATT CTCTGCTATC 120  
 ATTTAAAATA GGTGCATTtCG TAATAACATT CGCTTCCTTC TTATATCCTT TAGATTGATA 180  
 ATATTCTTTT GCTGCATGAC TTACTGTTAC GAAGGCATTA ACACGATGTT TTACTATGTG 240  
 TTTTCTATA CTTTCTACAA ACTTTGAAAT AAGTGGAAct TTATTAATAA AGGCATTTTTT 300  
 CGCATATATt TCATGCGCAT CATAAACAAt ATTAGCTTTT TtATAATTGC TTAAATAGAC 360  
 CATTAAATAAT ACGTCGAAAT CATTtGCATG AATCACGTCA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1041:

(A) LENGTH: 268 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1041:

10 ACTTGCGTTT CTATTTAGCT CAGACAGGAA AAATATTCGC TGGAAATATG TAGGAATTTT 60  
 ACTTGCAATT CAGCTTATCT TTGCATTTAT CTTGCTTAAA ACTACAATGG GAATCAAGGT 120  
 TATTGGTGGT ATTTCAAACG GTTTTAACTA CTTATTATTA AAAGCAGCAG ATGGTGTTAA 180  
 15 CTTTGTATTC GGTGGTATTC AATATATCGT CCCTAAGCAC CCACCCATTC CTCCTCCGGG 240  
 GAATAATAAC CAACnGAATT AATTCCGn 268

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1042:

20

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1042:

30 GTGAAGATAA GAAATTAAAG TTAAGACAAG GTTAAAAATA AGCAAAAAAT ATTGAAATTA 60  
 CAGATCATTG GAnTGGTATT CCAGAGGAAG ATCAAGATTC ATTTTGTATC GCTTTTATCG 120  
 ATGGATTAAA TCTCGTTCAA GAAGTCAAGC GGTAATGGAC TCGATTATCT ATTGCTCAAA 180  
 35 AAATCATCAA TTAAACGGnG ATCGATTAAA ATTAAAGTGA ATTAACAAGG AGCAACGTTA 240  
 AATCTATTTT AATCAGACTG AGACGTCATC AAGTCAT 277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1043:

40

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 379 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1043:

50 TTATCATCAC AAGTGATTTT GAAAATAAAA AAATCGAAGA TGATGACAAT GATTGAGGTA 60  
 GTGTGCCGAT ATTGCCGTTT ATTAAACGAG ACAAAGCATA TCAAATTATC CAGAATTTAG 120  
 TACCAGATTT ATCTTATCAA CAAGTTAATG AAGGTATGCC TTTGTCAGGn TTCCACAGAC 180

55

AACCATTATT ATTGTTATTA CCGATATAAC CATAGTCATA TGGTTATTGT GATCCAAGGT 300  
 ACCTTATGTC AACAGCGGGT TAAAGCAGAG ACAATACATC AGATTCGGCA TGAACGAAAT 360  
 5 TATATTTAA n GCTnCTAAG 379

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1044:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1044:

ATATTGAACT TGAAGACCAT GCAGATATAA ATGAAATAAC ATATCGATTA TCAAAAATTT 60  
 20 TCGGTATTAA ATCTATTAGT CCAGTATTAA AAGTAGAAAA AACAATAGAG GCAATAAGTG 120  
 CAGGGACAAT TAAATTTGCG CCATTnTGAA GAAAACAGCA CATTTAAAAT TGATGTGAAG 180  
 CGTGCCGATA AAAATTTCCC AATGGATACG TATGAATTAC AGCGTGAATT GGGTGGTGCA 240  
 25 GTATTGAAGC ACTTCGACAA TATTTCACTG aATGTCaAAC GTCCAGATCA TGgAAATTCg 300  
 AGTGGGmAGT TtAGGmTTAG ATGCCAATTT TATATGGTAT GnAAGAAGTT GGTTCGGGG 360  
 30 TTCCAGGTGG GATTTACnG TTGGGTACTG GTGGGTnAA 399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1045:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1045:

AnGATAAACA GAGGAGCACA AAAATGAATn nAAATATAAT CATCAAAAGT ATTGCGGCAT 60  
 45 TGACGATTTT AACATCAATA ACTGGTGTCTG GCACAACAGT GGTTGATGGT ATTCAACAAA 120  
 CAGCCAAAGC AGAAAATAGT GTGAAATTAA TTACCAACAC GAATGTTGCA CCATACAGTG 180  
 GTGTTACATG GATGGGCGCT GGAACAGGAT TTGTAGTTGG GAATCATACA ATCATTACCA 240  
 50 ATAAACATGT TACTTATCAC ATGAAAGTCG GTGATGAAAT CAAAGCACAT CCTAATGGTT 300  
 TTTATAATAA CGGTGGTGGA CTTTATAAAG TTACTAAGAT TGTAGATTAT CCTGGTAAAG 360  
 AAGATATTGC GGTCGTACAA GTTGAAGAAA AATCAACGCA 400

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 626 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1046:

ATAAACTTCT ACACCATCAT CTTTACCTAC AACATTTGTA GCTTTAACTT TTAGTCCAAA 60  
 GTTATCTTTA AAGAATTGTT CACCTACTTT TTCAAATTCT TTACGATGCT TCTTCACAAA 120  
 TTCAATCGCA TCTTTTTCTG CAGGTGGTTG AAAGCCTTGT CCTACATATT TTGAAGCTTC 180  
 CATTTCTTCT GGTACTGATT TTGTTTCTGT ATTTGTTTCT GTATTTGTTT CTGTATTTGT 240  
 GTCTTTTTTT GATTCAATTAT TCATCGCTGA ACATCCTGAT AACAGTAGCG TTGCTATTAA 300  
 GATTAAATTC GCCTTTTTAA ACATAGCTCA TCACCCATTT ATGTGkTTAT ATAGAATATT 360  
 AAAAAGCATT TTAAAAAATA TTTATTCATC TTTACGATAC ACTCCATATT CTATTGGATC 420  
 ATTATCATCA TAAAAGGCTT TTTTAGTATT AATAGTAGGC TTCCTATTT GAATTGTAAT 480  
 TGTAGATTTT TCTGGCTTAT TTTTAAAATT ATATAGTTTA TCACTCAGTT CAATTACATC 540  
 ATCAACTGTA TTGTCTTTAG TAAAATTTTC CTTTGTACTA AACAATGTTG TTACTGTATC 600  
 TGTATTAGCA GCGnAATTCA CTTCTT 626

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1047:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 317 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1047:

GACGGCGTTC AAAATGCAAC GGTCAATTTA ACAACAGAGC AAGCTAAAGT TGACTATTAT 60  
 CCTGAAGAAA CAGATGCTGA TAAACTTGTC ACTCGCATTC AAAAATTAGG TATGACGCGT 120  
 CTATTAAAGA TAACAATAAA GTCAACGTCA CGCAACTGAA GCGTACAACA TAAATTGATA 180  
 GnTATCATAT CAGCAGTATA TCTTACCACT ATAATGTAAT GTTGACACTT TCATATGCAT 240  
 ATACAGACTA TTACGATCAT GTCCATTAT TAGCnCACTG TCATTATATG GTGGCATTAT 300  
 GAGGGTATAA ACTTAGn 317

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1048:

- (A) LENGTH: 223 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1048:

10 ATACGnATTA TGCAAAAAAT AAAAGTGAGAT TGGCATATGT GTAAATCTAA AATACTGTTG 60  
 AAAAATATTT TTAGTGAAGT AATCAGAAGT TAAAGATTTA ACTGAAGTAA AAATATAATC 120  
 AAGATTACGA GTCATTAACA TTTAGCTTTA AAGAGGGAAA CATATCAAAG TAGGTTAGCT 180  
 15 AAGnAAAACA CCGACTAAAT CGGGGATATT TCGTGACATG TTG 223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1049:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 20 (A) LENGTH: 608 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1049:

AAATATGAAT AATGCAATTG ACCAACGTTT GATAACGTTG CCATACCCAT ATTAAATTTT 60  
 30 GTATAACCTT GTTCTTTACT CCAAAGTAAC ATATGCAAGT ATAGACCATC CATTAATGGT 120  
 AAATCTAACT CTGGCAACCA TCTAATTAAA TCGACTGAAA TGGCATCATT AAAGTATGTT 180  
 GGCATTAAAC TACAAATGC AATTACTTCA TTTTCTTCAT TTCGCATTAC ACCAATTGGC 240  
 35 GCTTTAGATA AGTATTCTTC ATTAAATnCA CCAACAGAGA AATGCATTTC CyGACGATTA 300  
 TCTAGCCaTA AATcACTTAC ATGTTGAAGt TCATTTAtAA ATTCAGTTGr AAACGGtGGt 360  
 TCAATAATTT CGAACGAAAT ATTAAGTTCA TCGAATTnAT TTAAAGTCGC TCTAAATCCC 420  
 40 ACGGCGTTTT TTACCTGAAG TTGAAAATTG CGTTAAATCA ATAATTGCTT CTTACCTAA 480  
 TTTGAAAAT TGGTTACCGG nATTATGATA TAAAGGCATG TGTGATCTG TAACCTGATA 540  
 45 GAATATAACA TCATAGCCTA AATACTCAGC GTAATTATAG AATGCTTCTA ACAATTCATC 600  
 AAAGGCAT 608

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1050:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 292 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1050:

5 TGTCTTTCTA CGCTAAACTA TATGATAAAT TGCCTATGTA TTTACTGGTG TTTATGGCCT 60  
 TTACAGCTGT AATTTTGATT ATGATGTACA TACAAGAGAA AAATGAAAAT TACAAAGTTG 120  
 AAAAAAGATA TGTGGTTAGA TATCTCACAC TTAACGTTAT TGTGGGATAT ACTTTGCCAT 180  
 10 TGCTTTTGT ATCTATTTAC GTTTTGGTG TAGTCGGTTT TGGATTGAT GTTTTCAATT 240  
 ATTGCTAGG TaktATCTTG ATGtyATwTA TTTCTTGGTT TAGGThTATT nT 292

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1051:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 734 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1051:

TAAATChTCA AAGATTTCTT CTAAAACATT ATAATCTTCA ACGATACTCG AATAATAATA 60  
 25 CAGCTCATCA TTTCTGGGCT TGTATAATA AAATATAACT TGCCACCTC CATCGTCCAC 120  
 ATATGCAATT ACATATACCT TTTCCCACTC TACTGGTATC ATTCATTGA TCTCATTGTC 180  
 AATTTTATTG TACATTTTAC TTAATTTTTC TTCGAAATTC ATGTTATCGC CTCTATTGTT 240  
 30 CAGCTTCTTC TTGCTCTTTA ACATATTGCT CGATTCTTTT AACTTTATTA ATTTTCATATT 300  
 CCGTTTCTGG TAAAATTCCA AATTTTCTAT ACTTATAGTA ATTTTGTCGA CCTACTTGAC 360  
 CAAATTCTGA ATTTATCCAA TCAATATAAT CAAATGAAAC TTTTAATTCA CCTTCTCTTG 420  
 35 TAAAGTCAAA TTCGCATGAT GTCCATGGTT CATGTCCTTC TTCTTTAAAT AAATTCCTTA 480  
 AATTTTGAAA TTGTTTATAC AACTCATACA CTGAaTCCAT AAATCCGAT TCCGATATAT 540  
 40 CATATTTATT TAATACACTA GTATAGTAGT ATAATTCATT ACTTCCAGGT TCTGTGTAAT 600  
 AGTAGAACAC TTCTCCTCCT CCGTCATCTA TATATGCCAT TGCATATACC TTTTCCCACT 660  
 CTACCGGTAT CATGCTGCTA ATCTTATTCG CAATCTCGCT ATACATTTCa CTTAATTTTT 720  
 45 CTTCGAAAGT CATG 734

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1052:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 775 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1052:

5 ATTTTAAACC AAAATTGCTT TTTTATCTGA AAAGAAAGGC AATGTTAATG TTTCTTCAAC 60  
 AATTGGTGCA ATCTCTGTTT CGTATAAAAT ATATTTTACA AAGTTAAAGT CATCTCTATC 120  
 ACTTTTCAAA AATTGTGATA TGATTTCTGC ACTTTGTTTT TCAACCAATT CAGGCACATc 180  
 10 TCCATAAAATa GCTACAATAT TGTCGCTCAT TCATTACACC CTTTCATTCTG TTTGACACAT 240  
 CAATAGATTA TATCATGTTT CTGTATCTAT AAACCACTTG CATTTCATA AGAGCTTGAA 300  
 TCAACTTTTA AATTATCATC TAAGTCAATT GTAACCTGAC CGTTTTtGTTG ACTATTGTAA 360  
 15 ATGCGtACTG CGAATCCTTT GCAATCGTt aACAACTTCT ATATTAGGaa GwTGATACAT 420  
 ATTGTTCTTC CCAGAAGAAA TCAAACCTTAT TTTAGGCTTA ATCATCTCTA TAAATTCTTT 480  
 AGAACTACTT GTCTTGCTCC CATGATGTCC TACTTTTAAA ATATCAATCT CCGGCAAGTT 540  
 20 ATATTTTTTTT AGTAGTAAAG ATTCATTATT TTTACTAGCA TCGCCCATTA ATAAACTTTT 600  
 TTTATTTTGA TATGTAATCA TAGTAATAAT CGAATACTCA TTTTATCTC GGCTATTTGG 660  
 AATAAACTA TCAAAAAAAT AGAAACTAC TATCTCCAAG TTTAAACTA CTAACCTGTC 720  
 25 TTACATCCAT AAGTTTAATG GTTGTACTTA TGGGCTTAAT TTCCGATAAT AACCA 775

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1053:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 30 (A) LENGTH: 234 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1053:

40 GAGACCAATC ATCATAATGA ACGACAATCA TGTATTTAAT ATTTAATAAA ATACTGAATA 60  
 ATGCTATAAC TGCCATTAAT TGAAGACCAA TCGCATCTAA TGCGACAACA CGATCGGCAA 120  
 GTGATGGGCC TAGCACAACG CGAATGAGCA TAGCTAACAT AGGAnGTGAC AACTATGATT 180  
 AATGCAATAA CGATGAATAA CCTTGATGAn TCATTATAAT TCGCCACCT CTCT 234

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1054:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

CTACTGGTAT CATCCACTGA TTTCATTTGC AATTCATTG TACATTTGAC TTAGCTTTTC 60  
 TTCGAAAGTC ATGTTATCGC CCCTATAGTT CAGCTTCATC TTGCTCTTTA ATATATTGCT 120  
 5 CGATTTCTTT AACTTCTTCC ATTTCTGATT CCATTTCTGG TAAAACACCA AACTTTTTAT 180  
 ACATATAATA GTTTTCACGG CCTAATTGAT CAAACTCTGT ATTTATCCAA TCAATATAAT 240  
 CAAATGAAAC TTTTAATTTA CCTTCGCTTG TAAAGTCAAA TTCACTTGAT GTCCATGGTT 300  
 10 CAAGCCCTTC TTCTTTAgAA AGTTTCTCTT AACTTCTTAA ACAATCTATA TAAATCCGTC 360  
 CACAAATCAT AAAATACTTT TTCAGAGACA TTATACTCTC 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1055:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 333 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1055:

GnGGCATATA TAGCGTTGGC GGTATAACAA AGAAAAATGT GAGATCAGTG TTTGGATTTG 60  
 TAAGTAATCC AAGTCTACAA GTTAAAAAAG TTGATGCTAA AAATGGCTTT TCGATAAACG 120  
 AGTTGTTTTT TATTCAAAG GAAGAAGTAT CATTGAAGGA ACTGnACTTT AAAATAAGAA 180  
 30 AACTCTTAAT CGAAAAATAT AGATTGTATA AAGGAACGTC TGATAAAGGT AGAATTGTTA 240  
 TCAATATGAA AGACGAAAAG AAGCATGAAA TTGATTTAAG TGAAAAATTA AGTTTTGAAC 300  
 35 GSTATGTTTgA TGTAATGGaT AGTAAGCAAA TTA 333

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1056:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 347 base pairs  
 40 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1056:

TGGGCAGTTA CATTTATGAT TATCAGCACA TGTTTAGCTT ATAAATTTTT ACGAAAGTTT 60  
 AGCCGTTTAT AAAGCACATG CATAATGAAA CGAGTATTTG CCACTTGATT AGTACTTCAT 120  
 50 TATTATGTCG AAAATAAAAA TAAGTGGTAT TTTTAATATA TTAAGAAGCA CTCATAATCG 180  
 GCTGTTAATT AATAATATTT TTCATAAGTA TTGATTCATC ATTTTCTTTA TGTAAATAT 240

TAATACAGAT ATCAATATGG CnAAAGTGTT nnATGAATCA GAGGTAA

347

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1057:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 312 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1057:

TCCAAAACGG AGAGCCAAGA GTTAACTCTA CTTATATAGG ATACGCGCCA ATTGATGATC 60  
 CAAAATTAGC GTTTTCAATT GTATATACAA ATCAGCCTGT ACCACCACCA TGGTTAACAG 120  
 GTGGAGACTT AGGTAGAGAT GTAATTAACT ACTACTTTAA GCAGTTAGGT AAAGATGATA 180  
 AAAATAAAGA CAAAGACAAA TAAATTTTAA CCTGACGATT GTGTAGCGCA TGGTTGTAAA 240  
 ATTTTAACTT TGCmAATATT ATAGATGTTG GTATAATAAT AAAGTCGTAT TtAGaAATGA 300  
 TwAGGaGGGA AT 312

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1058:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 404 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1058:

GCCATTTTGC GATGCTAAAT CCATTGAAAA TGCAATACCT GAAAGTCCAC CAAACAAAGA 60  
 ATTGTTATAT TGACCACTCT GTAAATATGG TGCTAATTTT ATGATGTACT TATGCACAAT 120  
 TTGCTCAGTA TTAATATCGA AAACTTTTtG AtAAGCATCT AAAAACAAAA TGATACCTGG 180  
 TATACCATGT GATAAAGTTG AAGGTTCAAA ATAATCGGTT TCAGTAGATG CTTTTGAAAT 240  
 GAAATCATCT ACTTCTGAAA TCTCTTGAAA CTTCTTCTTC AATATTAGAT TCATATCAAT 300  
 CATTTTtGTC ACCACACCAA TGCTTTTGAG TTTTAACAAT TTCTTTTACA ATAGATAAAA 360  
 CAAATGTTTC TTGATCCTTA TCAATGCCAA ATATTCGATT GnAG 404

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1059:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 233 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1059:

5 ATGTACATAG G<sub>n</sub>ATGACATA AGTGTGCCTT CTTTTTCAAG ACCCTCCATA GAAATAATAC 60  
 ATGGATGTGC ACCACG<sub>n</sub>TAC TACCTCTTTA ACGTTACCAG AATTGATAAA TTAACCTTTCT 120  
 CTTGTGTTGC TAAACCTACA ACTGGTGTAC CTTCTTCGAT TAAGGCAATT GTACCATGTT 180  
 10 TAAGTTCTCC ACCAGCAAAA CCTCGCTGAA TGTAGAAATT CTTAAGTTTA AGT 233

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1060:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15 (A) LENGTH: 295 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1060:

20 GCACCACTAC TGTTAATAAC ACACCTAAAA AAGTCGAAAT ATAAGGGTTA ATCGCTGTTT 60  
 TAAATGTATA TCCTAGTGGC ATTGCCATTA ATTATCCGAT AGCTTTTTTCT GCTGCTTCCA 120  
 25 TAGTCATCTC ACCTAATGTT GGATGTGCAT GGATTGTTAA TCGGATATCT TCAGCATTCA 180  
 TACCAGCTTC AATTGCTAAA CCTAATTCAG AGATAATATC TGATGCACCA GTACCAACTA 240  
 30 CTTGAGCACC GATTAAAGTA TCATCTTCTT TAGTGTAATA AGTTTAAACA ATCCG 295

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1061:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 413 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1061:

40 CAATGCCTCT CGTGTTCAG CTTCTTCCGG TGAAAAACCA ATATTTTCAA GTGCAATAAT 60  
 TTGATCTAAG TCCTGCATGA TTACTTTTCT TAATACCATA AAAACACTTC CTTAGCCCTA 120  
 45 TATATCAAAA GTAATACCTT CATCTTTATA TTCATTATTT TCAAACTACC TTCACTATAA 180  
 AAAACGAGTC TTTTATTGA AAGCCATTCG CCTTAATCAA TTAGACAAGT TGTATKATAC 240  
 50 GAATTAGTAA ATAATCATGA TTATAATTCA TTTTAAGCAT ACTCAAAAAG ACTGGTACAT 300  
 GTATACCACT CTAATTCGAA AAAATATATT TAGTTAAAAC CATTTCAAAA ACGACTTCAC 360

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1062:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1062:

AAGCTGCATA CTCTCCAAAC TTAGAACCAC CGAAGCGATT CACAAAATAT TTATTAGCTA 60  
 AAAAGTCGGC ACATAAAATT AATATTGTGA GCAATGCCAT AGATACATAA AACACCCATG 120  
 ATAAATGCTG ATTATGAAAG CCAAATTGAT AGATTAAAAA GCCAACCCAT AATACTAAAA 180  
 CAGAAGGAAT AATCGGCTTA ATCAACCCAA CAAATGCTAA CATGAAGGCA GCGATGATAA 240  
 GTAGCCATAA AATAATTGTC ATGTTGATAT CACATCCTCT TTTGTATTTT TTGATTTTAA 300  
 GTAAAGAATA TAAGTATCAT ACCTAACATG GTTGATGCTG CTGGATACCA AAAnATACAT 360  
 TTTCCCAAAC CTTACCCAGT GGACTCCTAG GCACCACCTT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1063:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1063:

TGGATCAGAA GGAATCTGGA TGCCTATTGA TGACAAAGGA TACTTTAATT TTGACTTCAA 60  
 AACGAAACGT TTCGATGATT TAGAGTTAAA GAAAAATGAT GAGATCTCAT TAACATTTGC 120  
 ACCTGATGAC GAAGATGAGG CATGGAAGTC ATTAATTTTC AAAACTAAGG TAACGAGTTT 180  
 AGAAGATATT GATAAAGCAG AACTAAATA TGACCATACT AAAGTGGAAG AAGTAAAAGT 240  
 ATTGAAAGAT GTTAAAGAAG ATTACATGT AGATGAAATT TACGGAAGCT TATATCATAC 300  
 AGAAAAAGGT AAAGGTATTC TTGATAAAGA AGGTACTAAA GTaATTaAG GTAAGACTAA 360  
 ATTCGCAAAT GCAGTTGTGA AGGTAGACTC TGAAGTAGGT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1064:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 434 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1064:

5	GTGGTCGTGA AGCAACTGAT TTCAAAGAAG AAGATATCGA GCTTTTCAAA GACATTGCCG	60
	ACAAAGTAAA ACAAACAAAT AGTTATGATC TAGCGTTTGA TGAATTAGAA AAAGAAAAAG	120
	ACTTCCTGCA AGTCATTGTC AAAAACGATG ACAAAAACTT ACCTACTAAT CAAAATGTCG	180
10	CTCAACTAGT AGAAGATTTA CGCCTAGAAA TCCAGAAAAT GCGCGAAGAA CGTCACCTAC	240
	TTGGTCAAAT GATGAATCAA GTACATCAGC AACACAAGA ATTAAAAGAA CTTCAAAATC	300
	AACTTACATC TAAAATCGAT TCAAATAGCG AATCCTTAAA AGCCATCCAA ACATCACAAG	360
15	AGGCTATCCA AGAAGCGCAA GCCTCTCAAG CAAAAGCATT AGCTGAATCC ACCAATAAAG	420
	TTGGAAAGAA TGCT	434

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1065:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 239 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1065:

30	TAAAACATAT GGCTTGATAT TGCAGAAGAA TTGAAGTTAT CGTACCAGAA ACGGTACATA	60
	ATCATGATTA TATGGAAACG AAAAAATAA AAATGGGTCA TTTAATATAG GAGGATTTAA	120
	CATTGAATTT TGAAGGTAAn TAATTGGAAA AGATTTGAAG TTGCATCGTT ATTATCGTTT	180
35	AAATGATTTTA TCACTGGAAG ATTACTTGAA GGTGCAAAAG ATACnTTGAT TCGACATGA	239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1066:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 202 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1066:

	AAATATCTAT AGACCTTTAT TCGGAAATGG TTCGTCTCCA GAATGGAAGG ATGAAGTACC	60
50	GAGTATTGAA AGGTAGAAGG TCTCCAAACT TTACCTGnAC GTGCACGAnA TCTAACTGAA	120
	GATGATTTAG CAATTGAATT GAAACAGCCA ATTGTCGGTT GTAATAACTT AGGAGAGTTA	180

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1067:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 749 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1067:

CTACAATTCG ATCAACGCCG AAGTTAGATA CACCGATTGC TTTAATTTTA CCATTTTCTT	60
TTAACTCTTC TAATGCACGC CATGAGCCAT ATACGTCATT GTAAGGTTGG TGAATAAGCA	120
CTAGATCAAG ATAGTCCAAA TTTAATCGTT GTAATGATCG TTCGATTGAT TTGATAGTAT	180
CTTCATAGTT AACATTTTCA ATCCATACTT TAGTCGTAAT GAATAGTTCA CTTCTATCAA	240
TACCTGAAGC TTCAATACCT TGACCTACTT CAGTTTCATT TAAATAACTT TGTGCTGTAT	300
CAATATGTCT ATAACCCGCT TTAATTGCTT CTTTAACCGC TTCTGCGTGT TGTCTTGAG	360
GAATTTGAAA TACTCCGAAA CCTAATACTG GTATCTTTAC ATCTTTACTT ATTTCAATAT	420
GATTCATAAA ATGAACCTCC TTTATCTtGT ATGTCCACTA TAAACCATGG AGCGAACTCT	480
ATAGCAAGCC ATAGGTTTAC TTTCTCTCCC AAAGACGTTT AACATTGTCA TCATAATTAT	540
CACTAGCATT GATTTTAGCA ATATGATTAT CATAATTATC AATTTTATAT TGTAGTAAAT	600
CTCTCGCATC ATGAATTGTC TTTAAGTTTT CATTTAATTC TTCGAGTTGC TTATTTAAAA	660
TTTGCTTTTG CTGTGCTTGA ATATTTTCAT TTTTAGGCAA nTGCGCTAAC CTGCAAAATT	720
CGATAAGCGA TTCAATACTG ACGCCTGCA	749

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1068:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 436 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1068:

TCCTCGAGAT AGACAAGAAT GGTGGTACAA TGTTTTTTTAT GACGATGGCA AATATnATAA	60
GAAnATAA1T AAGAATGACA TGTCAAAAAT TAGGCGTAAT TTTTAGATTT ATCTATATAT	120
TTATGCCACC GCTCAAACCT TTATnAAAAG TAAAAAGACA ATATTTATAT TGAACCTGTG	180
ACGTGAATTT CTAAACACA ACCAACAATC CACAAGGAAA CTAGTAAATA AGTTTAAATA	240

TACTGACTAA AAAGATTTTG AAAGTGATTA AGTATTTAAA ACACGCCAAT CTTAAACCGC 360  
 TATTGACAAA TATGAAGCGG AACCACCGTT GTnTTTCTTT TnCAGGTCCA ATTGAATAAA 420  
 5 TGTGTGATGAA TAGAAT 436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1069:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 551 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1069:

TTCTCAAGTA ACAGGTATTA TTGTTACTGG TACAATCAAT AGAGAAAAAT ATGGCATTAA 60  
 20 CTTTAACCAA GCACCTGAAA CTGGTGGCGT AATGCTAGGC AAAGATGTTA AATTCGAAGC 120  
 ATCAGCTGAA TTCTCAATCT CAGAATAATC TCATTACACA ATCCTCATTG TTTTAATATA 180  
 TATACGAAAT GCCAACTATA TCATCCCTAG GTATAGTTGG CATTTTTTCGT TTAATCATG 240  
 25 TGTAACAAGC ACTAAGTGT CACCCTAATT TTAGACGCCT TTCATTTCAGG TAGGTCTTAT 300  
 TGAAACTGAA AACTTTGaTG ACCTTTTGcA AaGCCATTAA CTGTATAAAG CATAGATCCT 360  
 CCGCCCATTT CTATATCATT GGAACAAATG ATGAGTTGAT TTGTTCCAGG TATAAATTGC 420  
 30 GGATGAGTAG AACGTAACAT ATGCCCTTCA TCTCGGCCTG GTATCAATAT TTGTCCTATT 480  
 GGATAACCCC TTTTATTAAA AACTAACACT CGACCTTGGA CCATACATTG CTACGGATAA 540  
 ATTATCGGCA C 551

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1070:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 325 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1070:

TATnATGGTA ACGCATGAnC CTGTTGCAGC ACGCTATGCA AATCGAGTAG TGATGCTAnA 60  
 AGATGGTCAA ATTTTCACTG AATTATACCA AGGGGATGAC GATAAACATA CCTTTTTCAA 120  
 50 AGAAATAATA CGTGTACAAA GTGTTTTAGG TGGCGTTAAT TATGACCTTT AACGAGATAA 180  
 TATTTAAAAA TTTCCGTCAA AATTTATCAC ATTATGCCAT CTATCTTTTT TCGTTAATTA 240

CAGAGTCATA TCCAATTATA CnGGC

325

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1071:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 771 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1071:

5	TAAATGCCGC AATTGGATAG CTTTAATATA ATTAATAGTC AAGGTATTnC CAACAAnAAT	60
15	ATATTATCCA CCCGAAGGAA GCGGGGTATn TTTGTTACTG ACGTCCCACA AGAAGCACAn	120
	ATATTAGATA GTGCTTACTC TGAAATTAAA AAATTAAGAG ATTATGATGA AAAACTAATT	180
20	ATCCCAGGAT TTTTGGCGT ATCTCATGAA GGATATATAG TTACATTTCC ACGTGGCGGA	240
	TCAGATATAA CTGGCGCCAT CATATCAAGT GGTGTTAGAG CCACAATTTA TGAAAATTTT	300
	ACCGATGTGT CTGGTATTTA TAAAGCTAAT CCAAATATCA TCAAAGATCC TGAATTAATC	360
25	GAAGAAATCA CTTATCGAGA AATGCGTGAA TTATCTTATG CTGGTTTTAG TGTTTTCCAT	420
	GATGAAGCCT TACAACCACT TTATAAGAT CGCATCCCTG TGGTGATTAA AAATACGAAC	480
	CGCCCTCAAG ATAAGGGTAC ATTTATAGTG CATGATAGAG AAATAAATGC GAAAAATGTG	540
30	ATTAGCGGTA TAAGTTGTGA TAAAGATTTT ACCGTTATTA ATATCAAAAA GTATTTAATG	600
	AAATAGACAAG TCGGCTTTAC TAGAAAGATA TTAGGTGTCT TAGAGGATAA TAATATTTCA	660
35	TTTGATCATA TGCCTTCAGG TATTGATACT ATCAGTATCG TTATGCGTTC AAAACAAATT	720
	CAAAATAAAG AAACAAAAGT ATTAAATGAA ATTCGTCAAA AATGTGATGT T	771

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1072:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 237 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1072:

50	CGGTGGATCC GTTTGATCTT GAGTGAGGTG CCAATGAAAG TTATGAGCCA CGTTGTCGCG	60
	CGCACCATAT CGTAGCACCT AGTGATAATA ATAAGGAGGA ATTATAAGTG TTTGATCAAT	120
	TAGATATTGT AGAAGAAAGA TACGAACAGT TAAATGAACT GTTAATGACC CAGATGTTGn	180

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1073:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 733 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1073:

CTTCTTGTGA GGGCGTTACA TCACCGGATG GATGATTATG AACTGCGATG ATTGCATTGG 60  
 CATTTTCTCT CACCGCAATA CTAAAAATTT CACGTGGATG TACAATCGAA CTATTTAATG 120  
 TACCTTTAAA AACACAGGTT TCTTTAATCA CTACATTTTT TGAATTTAAC AATAAAATGA 180  
 CAAAATGTTT TTGTGTTAAA TCTTTCATTG TTGGAATCAT ATAATCAGCA ACATCACTTG 240  
 GTTGC GTTAT TTKTATACGA TTATTTTCAG CTCTTCTCCC CATCCTTTCC CCTAACTCAA 300  
 ATGCTGCTTT TAAAGTAATT GCTTTTTGTA ATCCAATCCC TTTAACTTTT ATCAAATCGT 360  
 TAATTGAAGA TTTTTTCAAT TCATTGAGAT TCGAAGCAGA TTTAAGCAGT TCATTACTAA 420  
 TGTCTATGCT CGAGAATCCT TTTCTTCCGG TGTTAATTAA TATAGCTAAT AATTCTGTAT 480  
 TCGAAAGACT TTTTGACCA TGGCTTAACA AACGTTCTCT TGGCATTCTT GAAGTTACCA 540  
 TTTCTTTAAT TTTCAAAAAT ATACGCCTCC TAAAAATTGA TGGATATCAT TATAAAAAAG 600  
 TGAATTGATA AAAAAGGA GA TAAATATAAA TGGAACAAGG GGTAATAGTT TAATCGGCTT 660  
 AAATATCATG GTAATTAAAG CAACTAAACC AGCAATGACA AATGTAAATA AATATGACATA 720  
 AATAGTGAAT TGG 733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1074:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 768 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1074:

ATGGTTATTT TTTATGCTCT AAATCGTATG TGTTTATAAG GTTCAATTTC TTGCCATTAT 60  
 TAATTTTGCC GAGCAGTAAT GGGTTGTTAA AGTATCCATC AATTATGCTT AGCAATATTG 120  
 AAAAATTTAA ATGAAAAAGC GGTTC AATTC TTGAAAAATA GTGTATATTT ACATTTTGGT 180  
 AATAACTAAC TATAATTTAC ATAAGGAGGT TGTCATTTGG TAGTATTGTT ATCTTATAGT 240

TATTTACATA GAAGATCGAA ATGTGATTAT TGTAATTCGT CACTCAAawG GTATGAATTA 360  
 ATGCCGATTA TTAGTTTTTTT ATTATTAAAA GGGCGATGTC GAAACTGTCTG AAAGCGTATT 420  
 5 TCCCTAACAC ATTTCTTAGG GGAAACCTTT GCTTTAATAC CTATCGTCTT TATTAAGTAT 480  
 GATTTACAT ACGTAAATGt ACGCTATTTA TAACTACATA TGTTtTTCTG CTTATTTTTTA 540  
 CTATGACCGA TATCACTTCT TTAATGTTAG ATTGTCGCTT AATTATAATT TATTGTATCG 600  
 10 TTTCTCTCTC GTTAAGTATG ATTTATCCAG TAGCTTTTAT CATTATTAGT ATGACCACGC 660  
 ATATATTCTA CTTTTTATTT CGGGCATATA TTGTTTATGG TGACGTTTTA CTAATATCTG 720  
 15 CACTTTCCTT GTTTTTCCCC TCTCCAATTC ACTATTTATG TCATTTTA 768

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1075:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1075:

TCATATTCAT TTAAATACC ATTCATCTCA GCTTTTCTCA TTTTCTCTTT ATAAAGTTGT 60  
 ATTCGTGTC TTAATTCTGG CTCAGACATC TCACTCAATT TCTTCTGTTC CATCGGCAAT 120  
 30 ACCACTTTCT TCTAATTTAG CTTTAATTTT ATCATATTTA TATCCTTTTC TCATAAGGCC 180  
 TTCGATAGTT TTTGAAATTA ATTTCTGTIG CGTGTACTTC TTTCGATTTT TATTATAAAT 240  
 35 TTTTTCTAAA TCTCGTTGTA ATAAATCGTC TAAACCGCT TCATCTTGTG TAAAATCCAT 300  
 TTCATTCAAT ACAGCATGAA TGGTTTCCAT TTCAAACCT TTTTGAATTA AAGATTGCAT 360  
 TACTTTTGCh TnAACTnTAT TTTGTGGCCC nTTTTTTGTT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1076:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 753 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1076:

TTAGGTCAAA ATATGTTTTA TCCAAAAGGC ATTTTATCTC AATCTGCTGA AGCAAAGAGT 60  
 ACAACATATA ATGCAACTAT AGGTATGGCG ACAAACAAAG ACGGAAAAAT GTTTGCATCA 120

CAAGGCATCG AAGAATTACG TGATTTATGG CAACAAAAA TGTTGCGTGA CAATCCAGAG 240  
 CTATCAATCG ACAACATGTC ACTACCAATT GTTACGAATG CATTAAACACA TGGTTTATCT 300  
 5 TTAGTTGGCG ATTTATTTGT AAATCAAGGT GACACTATCT TGTTACCAGA GCATAATTGG 360  
 GGTAATTACA AACTTGTTTT CAATACGAGA AATGGTGCAA ACCTTCAAAC ATATCCTATC 420  
 TTTGATAAAG ACGGGCATT TACTACTGAT TCACTTGTAAG AAGCTTTACA ATCATACAAT 480  
 10 AAAGATAAAG TCATTATGAT TTAAATTAT CCTAATAATC CGACAGGTTA CACACCTACG 540  
 CATAAAGAAG TGA CTACCAT CGTCGATGCA ATTAAAGCAT TAGCTGATAA AGGTACAAAA 600  
 15 GTTATAGCTG TTGTGGATGA CGCATACTAT GGTTTATTCT ATGAAGATGT GTATACTCAA 660  
 TCATTATTTA CTGCATTATC TAATTTAAAT TCAAATGCAA TATTACCTGT TCGTTTAGAT 720  
 GGTGCAACAA AAGAATTTTT CGCATGGGGA TTC 753

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1077:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 405 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1077:

AGAAGCGATT TGACaATAAA ACAATTGAAA AACTTTTGA AAGCAAGTGG TGGGAGAAAA 60  
 CGCCTGACAA ACTAAAAGGA TTTTCGGTTG AATATTTAAA TAAAAAGGAT ACTTAATGAT 120  
 35 ATGAGAATTT TAAATATTGT ATCGAGTAAT ATTGTTCAAG ACCCAAGGGT ACTTAAACAA 180  
 ATAGAAACAA TTAAAGGCGT TACGGATGAT TATAAAATTG TTGAATGAA TAATTCACAA 240  
 rCTACTAATA AGCGATTGGA AAATTTAGAT TGTAATTATC GTTTGTTAGG TAGCAAGGTA 300  
 40 GATCCAAAAA ATATTCTTTC TAAATTAATT AAGCGTATAA GATTTGCaAC AGGTGtTATC 360  
 CGAGAAATTA AAGCTTATAA AcCTGACGTG AtTCATGCaA ATGAT 405

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1078:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 504 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1078:

CATATTCACA CCTCAATATT CCATAACTTT TACTTTAATA TCAATCCACT TAAATCCATT 120  
CACATCATTG AGTATAAAAT AATATGGTGA TATACGTTGA AGTTGATTAT CTTATATATA 180  
5 AGTATACTTC ACAGAATTTA TAAAATTGTT TAGTCATCAT CTTCAGTGTT TAATTCAAAA 240  
ATATAGAATC TACTGTATTG CATmATAaAT TGAAATGCCA CAAATTGTGC TCCAGCGATA 300  
ACCAACATGC TCACAATAAT TATAAACTTA GATTCTACGA CATTAGGmAC CAtATATATT 360  
10 CGATAATTTT TTCAATATAT ATAAATGAGC TCAACGCAGT TAATAATAAA CCGAAATGTG 420  
TTTTAGTTTT ACCACCCCAA CGTTTTGTGA CTTTAGGTAA TTTTAATAAC GTGAACATTC 480  
CGCCAATTAC TAATAACAAA TAAC 504

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1079:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 645 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1079:

CATTCTTAAT CAACTTCTTC ATAATGGGAA TTTGGCATGG TAnCGAAGTG TATTACATTG 60  
TTTATGGTTT ATACCATGCA GCATTGTTTA TAGGTTATGG CTATTATGAA CGTTGGCGTA 120  
30 AGAmACATCC GCCACGTTGG CAAAATGGTT TCACAACAGC ACTTAGCATT GTGATTACAT 180  
TCCACTTTGT AACATTGGC TTTTAAATCT TCTCAGGTAA ACTTATATAA TAAAGGAGAA 240  
TTTAATTATG GAATTTAGAG AACAAAGTATT AAATTTATTA GCAGAAGTAG CAGAAAATGA 300  
35 TATTGTAAAA GAAAATCCAG ACGTAGAAAT TTTTGAAGAA GGTATTATTG ATTCTTTCCa 360  
AACAGTTGGA TTATTATTAG AGATTCAAAA TAACTTGaT ATCGAAGTAT CTATTATGGa 420  
40 CTTTGaTAGA GATGAGTGGG caACACCAA TAAAATCGTT GAAGCATTAG AAGAGTTACG 480  
ATGAAATTAA AACCTTTTTT ACCCATTTTA ATTAGTGGAG CGGTATTCAT TGTCTTTCTA 540  
TTATTACCTG CTAGTTGGTT TACAGGATTA GTAAATGAAA AGACTGTAGA AGATAATAGA 600  
45 ACTTCATTGA CAGATCAAGT ACTAAAAGGC AACTCATTc AAGAT 645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1080:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 267 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1080:

5 AGATGCCAAA ATCAAAACCA ATAATTTGGC AACACATAT AAGTCCACTT TACCGGACCT 60  
 nTAAACTTAT CGTACTGTTA AGAACCAAAC GACTGCCATT ATTTGGTCCT AAAGCCACGA 120  
 TGGTGGTAGC CnTTGTAATA ATGCTGGCGT AGAAATTAAC CGCCACCCCT AACACCGAAC 180  
 10 TATAACGCGG ATAAACCAAT AAAATTATGA TATAATCATC CGTTAAGTCA ATCCATAGTT 240  
 TAACATCCCT TATGTTTAAT TTACTCT 267

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1081:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 441 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1081:

25 ATATTTGTCC ACTATTAGAA GATTGTAGAG AAGGACAAAA ACGTTATAAA GCTAGTTTGA 60  
 AAGAAGCGTG ATAACATGAC AAATATTACA AAAGAGGTAT TTGATAATTT AGAACAAGAG 120  
 ATTGATTTAT TTGCCAAAAA TAAGACATTA GGTCTAGTG AAGCAAAGCC CTA CTACTTGGAT 180  
 30 GAATACCATA GTAAAATTAT TGATTATTTT AAGCAGGTGA ATGACATAAC TGGCAATATT 240  
 GATTTTGATA AATTAAATCA ATATCCTGTT GTGCCAATGA ATTTTAAAGA AAGATATGAT 300  
 TATATGATTG AACGTAAATA TCATTTTATG GGCTATCGAC AAATGAAGAC CTTTAAAACT 360  
 35 GAATTGATTA AAATGnATGC TAGTTATCAA ACAAGGTAA AGAATAAGCA GGTATnGACA 420  
 AGATTGATCA TTTCTAGTG T 441

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1082:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 410 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1082:

50 AAAATTTCTT AGtTGATGGT TATTGTTGTT GATTGAATA ATTTGTAGCG AATATTTTGT 60  
 AACAGGGCTA CTAAGAATTT TTATAACAAG AAGTGATTTT AATCGTACTA ATTTTCAGCG 120  
 TTTGATGACA AAAGTGTATG TCCAACTTA AATAATGGCG ATAAAATTTA AGTCATGGGT 180

GTTGAATATC AATAAAAGAT TAGCAAGTTA GTTCAAAATG GCTATGTATT GTTTTTTGAA 300  
 ATACATAGGT TTGAAATCTA TATTAATTAT GCACCAAATA ATTTAATTAG ACTCTATCGA 360  
 5 AAATTTCCAA ATTTTGCTTA CTATCTTTCT AATTTTACTT TTATATTGTG 410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1083:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 586 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1083:

CAGATATTCC CTTCTATTTA CAAGTTGGTA ACCCATATTT ATCAGACAGC GTAGATAATC 60  
 20 ATACCGAAAA GTTGTTAGAA CGCTACGAGC AGTTGGTGGA TTTAGTTATG yAAAGTAATG 120  
 ATATGAATCA CGTTTATGTG TTACCACAAC TTCATACATT ACTTTGGAGC AATAAAAAAG 180  
 GTGTATAAAG GATAACTTAT TTTACTTTTT GCAAGTCATA TCTAATGAAT AACAAATATAT 240  
 25 TAATTGATAT AATAGTTGAT TGAAGTATAA CGAACAGGAG TCCATCATGA TTGTATATAT 300  
 ATTAATTAAT ATTGCTATCG TCGTACTTAT AACTGGATTC AATTTATATA GGCATCAAAT 360  
 GCAACATTTA TCATTAAGTG CAATGTTGTT ATCTATTACG ATaAACGCCT TTATAAATAC 420  
 30 ATTCATAATT GATAAATATA ACTTTATTAC TCTGTGTACT ATAACGATGT TTATCATTTG 480  
 GACGATACTA CAGTTTTACA TTGATAAAAA ATTAAACCT GTATACATTA CAGACCAAAA 540  
 ATTTATTGCT ATCATATTAA CGATTGTTGT CAGTTTAACG CAACGT 586  
 35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1084:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 638 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1084:

AACACAAGGT AGCGTCATTA GCATTTAGAT TTTATTGCCA AATTATATAA CGATTTATAC 60  
 ATCAATAAGA AAACAATAGA TGATGTATCT GCAGTTTCTG AAGTGAAATA TGATATTAAA 120  
 50 TCACAAATGA GTGATGATGA GATTAAGCGT TTAGAGGAAC AAGGACTTCA AGCTATTAAA 180  
 GAAGGACAAT TTGCAGTACT TTTGATGGCA GGTGGTCAAG GAACAAGACT TGGTTACAAG 240

TTAAAAACAT TGAATCATCA ATCTGGACAT ACGATTCAAT GGTATATTAT GACAAGTGAT 360  
 ATCAATCATG AAGAACTTT AGCTTATTTT GAAGCACATA GTTATTTTGG ATATGATCAA 420  
 5 GAAGCAATCC ATTTCTTTAA ACAAGATAAT ATTGTGGCGC TTAGTGAAGA AGGGAAGTTA 480  
 ATTTTAAATC AACAGGGTCG TATTATGGAA ACGCCGAATG GTAATGGTGG CGTGTTTAAA 540  
 TCTTTAGACA AGGCAGGATA CTTAGAAGAA ATGTCTAATA ATGGCGTTAA GTCATATTTT 600  
 10 CTTGAATAAT CATCGACAAT GTTTTCAGTA ACATGTTG 638

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1085:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 618 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1085:

ATTGCAATAT TATCCGCTTG GTTCAACACG TCATCTTTaT tAaTACcATT TATTGgAAaT 60  
 25 tCCaCCcATT TCCcGGgCTt CTtACTTCCc TTTATAAAAC TGcCCATTTA ATGAATACTG 120  
 TTTAGCTTCA TCTATTGTA CTTCCACTAG TTTACCAATC ATTTCTTTAG GCGCTTTGAA 180  
 ATTAAGTAGC TTATTTTAT CAGTGTAGCC AGCAAGAACC TGATCATCTT TTTTACTACT 240  
 30 TCCTTCACAA AGTACTGTTA CAGTTTGTCC TTCGTACTTA CTCATAGCTA TTTGTGAATA 300  
 ATGACCAACT TTTTATTCA AACGTTGCAA TCGTTCCTTT TTGACATTTA AAGGTACATT 360  
 ATCTTTCAAT TTAGCAGCAG GCGTACCATC ACGTTGTGAA TACAAGTACG TATATGCATG 420  
 35 TTCAAAACCA ACTTCATCAT ACAGAGTTAA AGTTTCTTCA AATTGTTCTT CTGATTCATT 480  
 TGGATACCCT ACAATAATAT CTGTAGTTAA TGCTACATTA GGAATTCTAT CTTTGATTG 540  
 40 TTTTACTAAA TCCAAATAAC TTTCTCGTGT ATATTTTCTA CCCATTATnT TTAATACTGC 600  
 ATTATTTCCA GATTGAAC 618

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1086:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 502 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1086:

CAGCAATATC ATGATCAGTT TAATTCATCA AGAAAGTCTA TCTATACTTT TACAGAAACA 120  
 GTTCAACCAA ATCGTGTTAT TTATGATTTT TATGATTATG ATCCGTATCA ATTAGCAGCA 180  
 5 AATAATGCGA AAGCATTAAA GGATCATATT GAACAAAAC TTAACTTTAA AGTCCAAAGT 240  
 ACCGGTGTTA KTTACTTTAG TGATGGTACA GTTAATATCA TTCAAGGTTT TGAAGAAAGA 300  
 GATAAATATG TTGATACAGT TTCAACAAAA TCTTCGTTAC GACGTATTAT TAGCGAACCA 360  
 10 nAGAGCTATC TAAACACCCT TTAAATAAAG AACAGGTTGA nCAAAATCACA GCTATATTCA 420  
 AGTAAAATCA AAGGCATAAT AATCCATTAC GCTCGATACG CACTATGGTT ATTATGCCTT 480  
 TAAATTATTT CTATATATAA nT 502

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1087:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 429 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1087:

TTGCCTGATG GACGATGGCC ATCACAGACT GAGTTTAGAT TGTCTTTAAT GCAACAACCT 60  
 GCTGTAAACC AAATTACGAG TGGAATGAA AGAATAAGTT CAGTTAATGG GCCACCAGGT 120  
 30 ACAGGTAAGA CTACTTTATT AAAAGATATA TTTGCTCATC TAGTAGTTGA mAGAGGTAAA 180  
 GAGTTAGCTA AACTAAATAA TCCTAAAGAT GCATTTGTCA ArACAAAAAT TCATGAAACG 240  
 GATGATAAAT ACGTATACTT ACTAAAGGAn nTATTGCCAA ATATAAGATG GTAGTCGCAT 300  
 35 CTAGTAATAA TGGAGCTGTT GAAAATATAT CTAAAGATTT ACCGAAAATT GAAGAAATTA 360  
 TAAGAnATCC CGAAAAATGT AAATCCCTA AATATGAACA GAATTATGCA AATTTAGCAC 420  
 ATGAATTAA 429

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1088:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 611 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1088:

TAAGACCTAA TATTTTGGnC CAATACTATG GTGCAGGTnA TTTATATATG ACACCAACAG 60

ATCCATTATT ACATGAGTTT GGTACGAAAA AGTATCCAGA TGAATATCGA TATGGTTTCT 180  
 ATGCTAAGCC AACATTGAAT AGACTTAACG GGGGATTCTT TGGACAAGTC TTTACTGTTT 240  
 5 ACTATAATGA TAAGTATGTA GTTGTACTTG CATTAAATGT AAAAGGAAAC AATGAAGTTC 300  
 GAATCAAACA TATTTATAAT GATATTTTAA AACAAAATAA ACCTTACAAT ACGAAGGGTG 360  
 TTATTGTTCA ATAATTAATA TAGAAGATAT AACATGTATA TGGCATTAAAG GCATCGACCT 420  
 10 TATCTGACCA GTATACGAGT TATATCTTCT TTTTATAGT GGTAAAAAGT TTAAAGTATA 480  
 AGGTTGAAGA AGGATGAGTT TAAAAATATG TGTAACTGA TAAAAGGGGA nATCATTGG 540  
 15 TGAGTTGGCA TCAGnCTAAA nTGAATGAAG ACGAATACGT TGGTCCATGC GTGGTGTGAn 600  
 TGTTTTCTAA A 611

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1089:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 644 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1089:

CTGGATAATC GCTTTAATAT GATCAATTTG CTTTTCACCTC ATATTAAGCT TATCTAGCCC 60  
 30 TTTTCATTTTA TTCATACCTG GAATCATTTT CATAATATCA TCCAGTGGTC CTAGATTTTT 120  
 CACCyGWTCA AGTTGTTCTA AAAAATCATC TAAAGTAAAC GATGACTCAC GCATCTTTTT 180  
 CTCTAAATCT TTTGCTTTTT CTGATCCAC ATCTTGTTGC GCTTTTTCAA TTAAACTTAA 240  
 35 CACATCACCC ATACCTAAAA TACGTGATGC CACACGTTCA GGATGGAATA GCTCTAAACC 300  
 ATCTAACTTT TCACTCATAC CAACAAATTT AATTGGTTTT TGTGTCACCG AACGAATAGA 360  
 40 TAAAGCTGcA CCACCACGTG tATCACCATC TAATTTAGTT AAGGtAACAC CTGTGACATC 420  
 AAGTTGATCG TCAAAAGATT CTGCAACATT GACAGCATCT TGACCCGTCA TTGAATCGAC 480  
 AACTAACATA ATTTGTTTTG GTTTAGCAAT GTCTTTTACT TCTTTTAATT CGTTCATCAA 540  
 45 TGCTTCATCG ATGTGTAATC GACCTGCTGG TATCAATGGA TTACAAAGTC TAAATGTTCT 600  
 TCTTTAGCAn GTTTTAATGC ATTAGTTACA ATTTGGTGTG GGCC 644

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1090:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 207 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1090:

5 GATCCTATCG TTTTAGTGCA TGGTTTCAAT GGGTTTACAG ATGATATTAA TCCTTCAGTG 60  
 TTAACCTCATT ATTAGGGCGG TAATAAAATG AACATTCGCC AAGATTTAGA AAAAATGGTT 120  
 ACAAAGCTAT GAAGCAAGTA TAAGTGCTTT TGGAAGTAAC TATGACCGCG CATTGAACTT 180  
 10 TATTATTATA TCAAAGGCnG TCGnGTA 207

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1091:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 212 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1091:

GACTCTAGAG GATCCCCGCT CAAATGCCAT TTGGTGATAT TCGTGAAGCT GCTGGCGAAA 60  
 AAACATTTAA TCCAGTGGAA GATCGTTTCG TAATAAAAAA ATAATCAATA TATTGTTAGG 120  
 25 AATGGGACAG AAATGATAAA GATTCATTAG TTATTCATTA TGTGTAGTT CTTACACATT 180  
 AGCCGCTGCT AATnGCAACT TAAGAnTAGG TT 212

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1092:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 208 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1092:

40 TGGACCTGCA ATTGGTTGCC AGCAGCAACT TTAGCTTCAT AGCTAGCTTT GTGAGCAAGT 60  
 GGTAACCTG GAACGATATC ACCAATTGCA TAGATATTGC TGATAGACGT ACGGCTTTGT 120  
 TTATCAACnn CTAATAATCC ACGTCAGCGA ATTTAACACC TAATTCTTCT AGGCCTAATT 180  
 45 CGTCGTGTTT GGACGACGAC CTACATTA 208

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1093:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 902 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1093:

5	CTTAAAAGTT GTnTCAATAA TGATTGTATT AGTTGCATGC TTATTATATA TGAATCATAG	60
	TATTGATTTA CCTACCCTTA TTATGATTTT AATTTTTTCA TTTGTGATAT TTGATAGTGT	120
	TGAAAATATT AATAGTGCTG CACACGTACT TGAAATGATA GATATGACGA TAGATGATAT	180
10	TGmAAAGATA AAAAATGCTC CAGAACTGGA TGAGAATGGA AAAAATTGTA CGATTAAAAA	240
	TGAAAATATC GCTTTTCAAA ACGTGAACCTT TTCATATGAT GATAACAAG TGATAAAGAA	300
	TGTGAATTTT GAGATACCTA CACAAACATC AACAGCAATA ATTGGACCTT CAGGAAGTGG	360
15	GAAATCTACA TTATGTCACT TACTCTTGCG CTTTTATGAT ATCGATGATG GAAATATTCG	420
	CATCGATGGT GTTGATATTA AAGATATGAC ATTAAGTACG TTAATGTCGA AAATTAGTGC	480
	AGTATTTCAA AAGGTGTATT TATTTAATGA TACGATTGAA AATAACATAT TGTTTGCGAA	540
20	TCCAGGTGCA ACGAAAGAAG AAATTATTCG TGCCGCGAAG CAAGCATGTT GCCACGACTT	600
	CATCATGTCA TTACCTGAGG GATATCAAAC AATGCTAAAT GAAAAAGGTA GTAATTTATC	660
	TGGCGGAGAA AAGCAAAGGA TTTCTATTGC TAGGGCGATA TTAAAAGATG CACCAATAAT	720
25	TATTTTAGAT GAAGCAACTG cAAGTATTGA CCCTGAAAAT GAACAGCTGA TTCAAACGGC	780
	AATTAATGAA TTAAGTAAAG GCAAAACAGT AATTACAATT GCACATAAAC TTGAAACTAT	840
30	TAAAnATGCA GATCAGATTA TAGTGCTCAA TnAGGTGAA ATAATTCAA AAGGTAGTCC	900
	TG	902

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1094:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 632 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1094:

45	ACGCAAGGGA TATGATTAAA CACCATAATA TACAATCACC TTTTTTATAC ATGAAAGCAC	60
	TAATAGAATC GATTCATTTA AACATAAAAC ATGATTTTAA CCAGCAAGAT TTGATTGAAA	120
	TACCAATTGT GTATGGTTCG AAATATGGTC CGGATTTAGA ATCACTTTTA AAACATTACA	180
50	AAATCAAGCT AGAAACTTTT ATTGAATTAC ATTCTAAGGC GCAATATTTT GTTTCGATGA	240
	TGGGATATTC ACCTGGGTTt CCTTATTTAA CTGGATTAAA TAAGAAATTG TATATTAATC	300

55

GCGGTATTGT AACTACGGAT ACAATTAATG ATTGGTTAGT TATTGGTTAT ACACCATTAT 420  
 CACTTTTTTAA TCCGAAAGAA TCAGATTTTCG CACGCTTAAA GTTAGGCGAT AATATTAAAT 480  
 5 TTAGACCTAT CAATGAAAAT GAATTAGAAG TAGGAGCGTT TAAAGATGTC AATCATAATT 540  
 GAAAAAAGTG GCTTATTTCAG TAGCTTTTCAG aCTTTGGCAG AAGGGGATAT GAACATGATG 600  
 GTGTAATTCC ATGTGGTGCA CTTGATACTT TA 632

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1095:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 212 base pairs  
 15 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1095:

GCAACACGAT TGCTAAAAAA TGATATACTT ATTAATTGTT GCAACACTTG TTTATGTGAT 60  
 ATACTGATCA TGGCATTGTG GCGGATTGAT GACCATACAC ATGACGTGAC AATGATAAAT 120  
 25 CATTGCCACT ACTTGTTAAA ACAGCAATTT CTCAAGTGGA AGCTGGTGcN ATATATTnCG 180  
 CCAATAATAT GATGGATGGT TTGTTGCTGA AA 212

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1096:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1096:

40 AATGAACTGG GTATTnCTTT TGCCATGCTT GCCCACTGCC ATGCATTTCG TGAAGAATGT 60  
 TTTTGTAGAA CCGgCTTAAG AATTGGAAGT TTGTAGTAGT ATCTAAAAAG ATTACTTGGT 120  
 GATACTCAGG ATGAATTCCT TGTTcATTAT TTTCAGCTCC TTTGCCCTGA ACCATCTGGA 180  
 45 ACAGAGTTAT TTGTGAGTTT TTACCCAATA CTGTGTAATT ATAAAGGTAA TTAATTCAAA 240  
 ACGCAAGCCC CTATATAATG TTTATTAAAT TATAGGTCGA CCCGTTTTAG TACTTTCTTC 300  
 TGCAGACTTT TGTAAGCTGCT TGAAGAAATC TcCATTATTC TTAGACCTTT TAAGTTTGCG 360  
 50 AATAAATCTT TCAGTAAAGT CAGTTGAGTC AGTGAATAGA TTTCTTAATT GCCATAATGT 420  
 GTCTAATTCA GATTTACTTA TCAACAATnC TnCTTTACGC GTTGAA 466

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 208 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1097:

TTTTGATTCA ATAGGCGGTT CCGTGTATC ACTGACAACT TTAGTTGTAG CTTTCATCTTT 60  
 ATGTATTTCT TCGTTAAATC CTTCAAGTTT TTAGTCGTGG GATTTTAACC TCAGGATGTT 120  
 CCATCATGTC TTGACTATCA AGTCCTTnTA CACGTGTCTT TATGTGATGC TTGATTGCGT 180  
 nCCCTTACTT TTTGAATAGG GGTAGTAA 208

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1098:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 571 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1098:

CCTTCAACGA AAATAGCATA TTGACCATAA ATATTATGAA TTGTTTGTTT AACATCTTCA 60  
 GTTATTGGAT CTTGACTCAA AAATACATTA AATACTTCAA TACCAAATTT ACGTGACATT 120  
 TCTACAGCTT CATACGTATC AATAATACCA TCTTGACTAT AATTAAATGC AGACGGTTCG 180  
 CCGTCTGAAA ATAnGATTAA AAATCGTTGA TGTGATTTT GACGCATTAA TCGTTCACCTT 240  
 GCAACTCTAA TAGCAACACC ATCACGATTA TCATCTTGAG GTTCAAGTGC CATAATACGT 300  
 GGGCCATCTT TTTCAAAGGT TGAGTAATCA TAGTTAATAA TTTCATTAAT GATATTTGGT 360  
 TGTGCATGCT CGTCTGAATC AAAGGCATCC TCACTGAATG ATAAATTTT ATGTTTAATG 420  
 TTCAATGCTT TTAACGTCTC GTGGAATAAC ACTACACCTT TCTTCGTTTC AGCCATTTTA 480  
 TCATGCATAC TTGCTGgACG CATCAATTAA CAATGTAAAT GTnCGCATCA AATGATTnAC 540  
 TTAAATCTTG TTTTTTGTA AACAATTTAT A 571

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1099:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 214 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1099:

TGCAAGTGAA CAAGTCATTA ACTTGTTTAA TACACGTGGG GCACAAGTCG AAGAAGTTTG 60  
 5 GGTGAAGGGC CATGAAATTA CAGAACTGG ATTAACGGCT GGTCAACAAA TACTTGGGAA 120  
 ATAACAGTTC TATTAAGAAG CGGACAGATG GAAAAGATTT TACCTTTCAT CTGCCGCTTT 180  
 10 TTGATTTGAA GGCCGGACCA AATTACCACn GGAA 214

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1100:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1100:

CACCGTATTG TACAAAGAAT TTAAAGTTTT CGATTTCTTn TCTTAATTTA TCATCAGCTA 60  
 TCGGTTTGGT TGGGATAATT TTATTATGTT CCATTTTTAC TGGATATTCT TTTTCTTTAC 120  
 25 TACGTGAGTA TCCTnTTTTA TCTTCCCATA ATTCCCTCAC AATAAATTCA CCTTTTGTCTG 180  
 TTCTGGTATT GCGGTCTACA TACAGGACCA ATCCTCTGGA TTCCaTATTc TTTCCATTTG 240  
 TTTCTATTGT CATTTTAGAG TGAATTATCC aAGTGCCTTT GTCGCCCTTT TCAAACCTCTT 300  
 30 GATCTCGAAA GCCTTCCTTA TCATAAAAGT CTTCAAGATT TTTAGTTGGA TACAGGCTCA 360  
 ACGTTTTGTT GAAGTTTTCT TTAATTTGTT TATCTTTACT GCTTTCTTCC TTTTTCATTC 420  
 35 CGCAAGCCCC TATAAAAACA GCTAATAATA CTAAATACAG CCAGAGCCTC AACCTTTTTG 480  
 AGTGAATCAT CATTTACAT CCCCATTTTT ATTTTTGATG CAAAGTTAAG TtCAAATTCC 540  
 AATATTAATA ATATTAGAGG aAAtTTtATG ATTAAaTCCT CGTGGATTtT AATTGTTAGT 600  
 40 TGTATTTTTTC ACATATCAAC ATCACAAATT ATTTAAAAAG CGCAAATATC TTTATAATTT 660  
 TTATTGGCCT AACCAACTAA TTAATTAAGA TAAATTGCGC TTATATTTAA AATAATAACA 720  
 CTGAAACTCA ATGTATTTAC TTATTAATAA TGATGTTTAA ATACAACTTT ACTAACATTC 780  
 45 ATTTTTCGGT TTACATTAAT TkGTTAGATA ACGATATATA TCAtCTCTTA CAGCTTTATC 840  
 CAGTGCTAAA TCCATCGTTA CTACGTTTGA ACCATTGGGC ATTTTATCTT GCTTTTCTGA 900  
 ACCTTCTATA TATCCAGCAG TTCCTAAATA ATAAAAATAT ATACCATCAT CATCTTTTTT 960  
 50 CTGTACAAAA ATATACATTT TAATTCCTTT TGCTCTATGG GACAAAATTT TCTGAACTTC 1020  
 TTTTGATTCT AGCGTTCTAT TAGATTTAGT AAACCATTTT AATTCATCTT GACTTAAAAA 1080

TGGCATTCT TGGCTTTT

1158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1101:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 353 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1101:

15	CCAAATGCTA TAAATGCAAA AATnGCTAAT GCGATATTTT TATAGAAAAT ATCTGGTCCT	60
	AAATTTTGTA AATACGTGGT AACGTTGCG TATGACAATA AGCCAATCAC TACAGCGTAA	120
	ATATGTGAAA TAATTAAACC GAACCGTCTC GCTCTTTCAA AAACAAGTGT TGCTAAAATA	180
20	ATAATCAGTA ATCCAAATGA CAAGGGTTGT CGCCAACTTA ATGGTAAAAA CTGACCTAGA	240
	TAGCATCCTA TGCCAAATAT AATCCAATAA TACATAAAAT AAAGCCACAC TTTACTTACT	300
	GATTGAGCAT GCTGGTTTTG ATGATAATAT GAATGATTG TATTTTGC GA CAA	353

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1102:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 194 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1102:

35	CCCACACGTC TTCCACCGGA TAGGTTTCGA GCTCGGGCGA ACCGGGCAGG GCGGTGACCA	60
	CCCCGTGCGG TGTCTTCTTG GCCAGCTTGT TTGCGAGCTT GGCCAGCGTC TTCGTGGGGC	120
40	CAATGCCCAC GCAACACGGG ATGCCACCC ATTGGAGGAT CTGGGCACGG ACCTGGCGGG	180
	CCATCGCTTC GnTG	194

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1103:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 220 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1103:

TCGCTTTTGC TTTTGCATCA GGTATTGCTG CTATTTCAGC ATACTTTTTG ACTTTCAAAT 120  
 CTGGTGATCA TGTCATCTTA CCCGATGGAT GTATATGGGC GGTTACTTTT CGTCTCACTG 180  
 5 TGGCAAATTT TGGATCGATT TAATATTGAA TTTTACAACC 220

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1104:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 235 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1104:

GGACATTGTA TCGACATTTT AAAGATAAAA GCGATTTATG CTACTACGTC ATACAAAGAG 60  
 20 ACCTTGATAT TTTTATCACT CATTTTAAGC AAATTAAAGA TGACTATCAT TCTAATTATG 120  
 AGGTATGCA AGTGTCTGCA TCGCTTTTAA ATAAGTCATA ATAAAAATCA AATAATTCTT 180  
 GATAAAATGC GCTTTGGTAA AAACGTAATT TATTGTTGCC TGCTTCAATA CATTG 235

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1105:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 229 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1105:

GCGGGGGCAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACAATA 60  
 GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTT AATATTGGGA TACTTAGTCC AnAGCCCTAT 120  
 40 ATTTCAGGCT CTATAAAGA GGATATTACG ATGTTTAAAG nTATAGAAAA TAATACTAAT 180  
 GAAGAAGTGC TAGACGAAGT AGGGTTTATT AGACCAAGTG CCATCCTTC 229

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1106:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 596 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1106:

1 AATTAAAT CAAAATTTGA TGAAGTAAAT GTAATCGCGT CAACAAACGG TAGAAAGTTT 120  
 ATTAATGGTG AAATATTAAA GCAATTTTGC GATAACTATT ATGACGAATT TGaAGACCCT 180  
 5 TTTTAAATC ATGTAGATAT AGCAAATAAA CATGACAAGA TTATTATTTT ACCTGCGACT 240  
 TCTAATACGA TTAATAAAAT TGCmAATGGT ATATGTGaCA ATTTATTATT AACTATTTGT 300  
 CATAACAGCTT TTGrAAAAC TTTCTATATTT CCAAATATGA ATTTACGAAT GTGGGAAAAT 360  
 10 CCAGTTACTC AAAATAATAT TCGATTATTA AAAGATTATG GTGTATCAAT ATATCCAGCA 420  
 AATATTTTCAG AAAGTTATGA ATTAGCGTCA AAAACATTTA AAAAGAATGT TGTCGCACCT 480  
 15 GGAACCATAT AAAGTTCTGG gAATTCATTT GaGATTAGAA TATGGAAAAT CaTAAAGCGC 540  
 GCKATTGATT AGTTTAATGA ATGATTGGAG TCnTTTGAAG ATnCGATTTA CAATGG 596

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1107:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 673 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1107:

30 ACTAGCTAAA AATAATATTC TATTCTTTTT AACATGGGCA GTTCCAGCGG CAATTAGTGG 60  
 TATTTATATT AAATATATAA ACAAGGCTAC GGTAGAAAGA TTTTTTAAAT TAGTATTTTT 120  
 CATATTTTCT GTTTCATTTA TTTTGTAAAT TTTAATACCA AAACCTACAG GTGAGATACC 180  
 35 TAGCTATATC AATTTTGGAC TTATGAACTA TCAAACGCT TCGTACCTTT CAGCATTTAC 240  
 TGCCGGATTA GGCATTTATT TCATTATGAA AGGTTTCAGTT AAACATAAGT GGATATATGT 300  
 TCTATTTACA ATAATTGATA TCCCTATTGT GTTTATACCA GGAGGGCGTG GAGGTGCTAT 360  
 40 TTTATTAATT CTTTACGGCT TATTGTCATT TACTTTATT ACGTTTAAAA GAGGAATACC 420  
 TATCGCAGTA AAAAGCATTa TGTATATTTT TGCATTAAGC ATATCTAGTG TATTGATTTA 480  
 CTTTCTTTTT ACAAAAGGTT CGAATACTAG AACATTTTCA TATCTACAAG GTGGAACACT 540  
 45 TAATTTAGAA GGTACTTCTG GgAAGAGGAC CGATTTATGA AAAAGGTATT TACTTtATTC 600  
 AACAAAAGTTC GTTATTAGGC TATGGGCCAT TTAACTATtA TAAACTAATC GGAAATATAC 660  
 50 CACATAACAG CAT 673

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1108:

- 55 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 506 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1108:

	TCACAGTGGC GGCACAAAAA GTAAGTGGAG ATTATTTTAA TTAAATTGAC CATAACGATG	60
10	GCACAATGAG CTTTGCTGTT GCAGATGTCA TTGGAAAAGG TATACCAGCT GCTTTAGCAA	120
	TGAGTATGAT AAAGTTTGGC ATGGATTCTT ATGGACACTC ACAATTACCG AGTGATGGTT	180
	TAAAACGTTT AAATCGTGTT GTTGAAAAGA ATATTAATCA AAATATGTTC GTCACAATGT	240
15	TTTATGGTTT ATATGAAGAA ATGAACCATT TATTGTATTG TAGTTCAGCT GGTCATGAGC	300
	CTGGATATAT TTATCGCGCT GAAAAAGAAG AATTTGAAGA AATTTCAAGT AGAGGTAGAG	360
	TGTTAGGAAT CAGTTCACAA ACACGATATC AACACAAGA AATTCCAATA TACCTTGATG	420
20	ATTTAATTAT CATTTTAACG GATGGTGTGA CTGAAGCTAG AAAAGTGAAG GTACCTTTAT	480
	AGATAAACAA AAACTTTTAG AATATA	506

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1109:

25

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 552 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1109:

35	TGATATTGAA AAAGATGTCA TTGTTAAAGC ACAAGAAAGT AAAATTGCTC AAGTTATCAC	60
	GAATTTGTTA ACGAATGCAA TTAATATTC TTATGAAGAT GGAGATATTA ACGTTCGTGT	120
	GTATCGAGAT GACTTTCGTG TCATTTTCGA AGTACAAGAT TTTGGTATAG GTATTAAATT	180
40	AGAAGACCAA CAACGTATTT TTGAAAGATT TTATAGAGTA GATAAAGCAC GAAGTAGnAG	240
	ATTCTGGTGG GACAGGTCTT GGATTATCAA TTACAAAGCA TATAGTAGAs GCCCACCAG	300
	GCAATATTGA AGTGAATAGT CAAGTTGGCA AAGGCTCAAC GTTCAAAGTT ATTCTAAAAG	360
45	ATTATAAAGA ATAANAATTA AAGTGGTAAC AGCGCGTGTA TTTTTCACGA AGTTGTTGCT	420
	GCTTTTTTAT TTCGTTCAAA TCTCTATTGG TATTAAATTA GAGTTAATGA AGTGGAATAA	480
	ATTCGGTTGT CAATTTTGTC ATTTGTATAT GTCGATTGT AAGTTATAAG TAATAGATTG	540
50	TTGTGAATCA nG	552

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1110:

55

(A) LENGTH: 244 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1110:

10 AACAGATCAA CAATTGCAGA TCAATTACTC GTCATATTGA TCAATTATCT CTGACAACGA 60  
 GTGATGATTT ATTACGTCAT TGATTGATCA TCACAAGATA AGTCGCTATT GATTTCTCAA 120  
 TTTTACAACG AnATTAGGAA AGCTGnAGCA GATAATTGGC TAAGTTGGAC GATAAAGGTT 180  
 15 ATCAATCGCC AATCGTTGCC ATTGAAGAAC TTTTGCTCAC TGGCGCACGC TTCAGATGAT 240  
 ATTT 244

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1111:

20

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 825 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1111:

30 AGTATTGAGT GTTTTGATTT AAGAGACTTG GAAAGTGAGT CAATAATCAA AATCTTACTC 60  
 AATACTTTTA TTTTGGTACT CGCAATTTAG ATTTGTAAAC TAATTTTTC GCTTATTATA 120  
 AAACGAAACA ATCAAGTAAA CGATAAAGCC TACAAAGATA CCCAATAAAA TAGATAGTAC 180  
 35 TGCCGTCACT ATTAATGGTA ATTTGAAAAA TATTTGTAGG AAAATmCCAA TGATAATTGC 240  
 GATAATTACT GCAAtTaATG TGACTGTATT TTCATTTGAA ATGTTCAAtT ATtTtCACTC 300  
 CTtAACAAATA ACATTATATC ATGCTATAGC TTTCCAAAT ATTGAAATAT GTAGATATGG 360  
 40 CTATTGACGA TATTTCTTAA CTTTATATG ATTAATCGGA ATGAAAAAAG AGAAGTAGGT 420  
 GGCAATATGA AGTCAAATAA ATCGCTTGCT ATGATTGTGG TAGCCATCAT TATTGTAGGT 480  
 GTATTAGCAT TTCAATTTAT GAATCATACG GGTCCTTTCA AAAAGGGGAC GAATCATGAA 540  
 45 ACTGTACAAG ATTTAAATGG TAAAGATAAA GTACATGTTT AAAGAGTTGT GGATGGTGAT 600  
 ACATTTATTTG CAAATCAAAA TGGTAAAGAA ATTAAAGTTA GGCTTATAGG GGTGATACG 660  
 CCAGAAACGG TGAAACCGAA TACGCCTGTA CAACCATTG GCAAAGAAGC ATCAAATTAT 720  
 50 AGTAAGAAGA CATTAAACAA TCAAGATGTT TATTTAGAAT ATGATAAAGA AAACCAAnTC 780  
 GCTATGGTAG ACCATTGGCG TATGTATGGA TAAGTAAAGA TCGTA 825

55

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 621 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1112:

```

10 TCCCTATAAA TCCCCACAAA AAAAGGGTAA ATCCGAACGT CAAATTTTCAT CTCTTTATGC      60
   CAATCAACGA TCGATTTACC TTTTAAAATT TAAATGTAT CTGTAATACT CTTAGCAATA      120
   TTTGTATATG CTGCATCTTC CATAGGTGGA TTGTGTAATC CTGCACGCAT GTCACGATAG      180
15 TAACGTTGTA ATGGTCGATT CATTCTAAG CTTTTAGCAC CAACTATTCT CATCGCTAAA      240
   TCAATCACTT CAAGCCCTTG ATTCATTACC ATCACTTTAC TCGCACTTGT TGGATTTCTT      300
20 ATCTGACTGT CATCTTTATA TTGTTGATAC CCTTTTGCTG TACTCCATAA AAATTGTCTC      360
   GCACATAACA ATAGCGTTTC CATTTTCCCT AAATTTTGTT GCACAGTTGG CAATGTTGCA      420
   ATCGTTCCTT CAATACTATT AGGGCTATGT TGGATTGCAA AGTCTACAGC ATAATTTCTA      480
25 GCAGCTTG TG CTATACCTAA ATAACAGCTT GGTATATGCA ATATCCAACC ATTTGGCGCT      540
   TTACTTTTCT CTGTTTCCAC TAAATGTTTT AATGGTACTT TTACATCATT TAATATTAAA      600
   TCATGACTTT CTGTCGCTCG C                                              621

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1113:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 619 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1113:

```

40 GTACCTTGTT TTTCAGTGT AATTTCCCAA ATATAACCTG GTGTAATACC GTATTGTTTT      60
   GAGAAGTACT TGAAGGCACC TTCACTTGTA ATCATGGCAC GTTGTTCCTC TGGAATGTCA      120
45 TTAAATTTGT CTTTACTGTC TTTACTGTCA TTATTAAATT TTTCCAATTG AGCAATGTAT      180
   TTGTTACCTT GCTTTTCATA ATCTGCTTTA TGTTTTTTGT CGTTATCGAT AAATGTTTGT      240
   TGAATTGTTT TTACGTAATT AATACCGTTA TCTAACTTA ACCATGCGTG TGGATCTTGT      300
50 TTATCTTTGT TGCCTTCTTC ACCGTTTAAA TAGATAGGTT TAACATCTTT TGATACTGCG      360
   ATAACCTTTT TATCTTTTAA TGATTACCA GCCTGTTCTA AGGCTTTTTT AAACCAACCG      420

```

ATATCyTTAG GTTtAACyTC aTAWtCaTGA GGATCTkGAC CAACAGGTAC AATACnATGA 540  
 ATATCGACGT TGTCTCCACC AACATTTTtTA GCCATATCAG ATAGAATTGA ATTCGTCGnT 600  
 5 ACTACTTTnA ATTTGCCAT 619

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1114:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 549 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1114:

GAAAACCGCA CGACAATGAA AAAAGATATC CGGTTAAAAT GGTGATAAT AAAATCATTC 60  
 20 CAACAAAAGA AATTAAAGAT GAAAAAATAA AAAAGAAAT CGAAACTTT AAGTTCTTTG 120  
 TTCAATATGG TGACTTTTAA AATTTGAAAA ATTATAAAGA CGGAGATATT TCATATAATC 180  
 CAGAGGTGCC GAGTTATTCG GCTAAATATC AATTAATAA TGATGATTAT AATGTAAAAC 240  
 25 AATTACGCAA AAGATATGAT ATACCGACGA GTAAAGCTCC AAAGTTATTG TTAAAAGGTT 300  
 CAGGGAATTT AAAAGGCTCA TCAGTTGGAT ATAAAGATAT TGAATTTACG TTTGTAGAGA 360  
 AAAAAGAgGA AAATATATAC TTTAGTGaTA GCTTAGATTA TAAAAAAGC GGAGATGTAT 420  
 30 AATCATGGCT CAATCAGAAT ATGAAATCAA TCCCGGAAAA AGAGAGTGAT GAAATGATAA 480  
 AACGTGTAAA TAAATTAGTG CTTGGTATTA GTCTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATGCACT 540  
 35 GCTGGTTGT 549

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1115:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 317 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1115:

TGTTATTGCA ACTATTAAAA ATATnAAAA CAAAGACTTA ATTGATTATT CTTTATATAT 60  
 TAAAAAAGGT TTAGTGGAGC CATTATTTGT ATTCTATAAT CAAGAAAATA TATTCTACAT 120  
 50 TAGCAATGCT GTTATAGATA TCATCAGTGT ATCCAAAGAT ACTCTTGATT ATATAAGTC 180  
 AGAATTCAAT GATCACTGTG tTCGCCATAC TGATTTTATA GCACAGAGAA AAGCCGTAGT 240

TTATCATCTT CGATGAA

317

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1116:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 400 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1116:

15	ACTATGACTG CAATGCCAAC AATGAATGTT ATTGCATAAA GCATATGCAT TTAATCAAGC	60
	TTATGTTATT TAGCAAGGGC AAGCCACTTC TCGATTCATG GCTTGCCTTA TTTTATTGTA	120
	TATTTTAAAT TATCGTTGCT GGGCCCTTGA TTGACAATCG TATTAAAATG GCCTTATTAA	180
20	GTCAACTTTG TCTATACGGT TTGGAATCTT CTACCCAATG TCTTATAAAA GACAATCCCG	240
	CACCTGAAAC ATAACATCATG AAnATAAGAA nATGGTATAC CATTAATnTG AATCCATTTT	300
	CAnTTTATAA CGTTGTAAAT GACACATAAT TAGAATCATA AAGTTTTTCG TGGGATATTG	360
25	AAACTTTACC CATACGAGAC ATCATGGATA AAAGCGAGGC	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1117:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 696 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1117:

	TGCATATAAT GTTCAAACGG CAATGATTCC ACTGTATAAA CCTCTTGTCG TGGATGATCT	60
40	TTAATTTGTT GTTTTAATAA CTGAACTCTT TTTTCATGTT CATAATGAAC ATAAATAAAT	120
	GCACTAAGAT ATATCACAGC TAAACTAGT GATGCACCTT TAATAAAATT AACATTGATT	180
	GACTTATATT TCCGAAATTC TTTTAATAAA ATAATTAAAA TGATTACATG TATCGTATAA	240
45	ACAATCAAAA AATTACCTGG TTCTATTGGA GTAACAATGA CTAGTGTCGA CGCCGAAACA	300
	CATATTGCAA TAAGTAAGGA ATATAAAGTG ATTTGTGTTT TACGATCATT AATAGACAAA	360
	TAAATACCTA CAAATATCGA AAACGCAAAG TAACCACATA CAATTACGTT CACAAAACCA	420
50	ACCAATCCAA TATCTGTATT TTTATTTAAT AAAAAGTATG TGTAATAATAG TAAATAATAA	480
	AGCGGTAAAG TGATAAATCC TATCATAATG ATACGACGCT TTAATATTGT TAAATGTACA	540

ATCTGACTGA AAATGACACC ATATGGAAGT GACGTTGATA TCATTTCTGC AAATTTTGAA 660  
 AAGATACCTT GATTATTGA AACTTGTTGA TATTCT 696

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1118:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 223 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1118:

GCAGTGACAA TCAATAATTT GTAAC TAGAA GATAATAAAG AGAACGCTCT ATAGAGACGA 60  
 ATTGAAGGTT TGATTTTAAT GTCTGTTAGT AAGAATCATA TCAATGAGAT GCCTATAGTA 120  
 CTCAGAnTAT ATTAAATTAA AACCGTCATT AATTGTTTTT CCGAAAACCA TTTGTAACCA 180  
 TTTnAATGTA GTTGGACCTA CCTACGTTCT CCAATAATCC ATT 223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1119:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 265 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1119:

CTGCTTTACC TTTTCCAAC TTAGAAATTG CTACATAGGG GCCTTCTGCT TTACCGCCCC 60  
 AATTCCAATT CCACATTTTC AAGAAATAAG GAGGCAAAAA TGTT CATATA TGAATTGGAA 120  
 TTATTTGTTT TCTTATTAGG CCGAGATGCG CCGCGTGCGG CTGCTGGAGA TGGCGGACGC 180  
 GATGGATATG TTCTGCCAAG GGTGGGTTTG CGCATTCACA GTTCTCCGCA AGAATTGATT 240  
 GGCTCCAATT CTTGGAGTGG TGAAT 265

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1120:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 329 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1120:

CATGACATTA CATGCTTATT TAGGTAGAGC GGAACAGGT AAGTCTACGA AAATGTTGAC 120  
 CGAAATAAAA CAAAAaATGa AAGCAGATCC GCTTGGAGAT CCAATCATTT TAATTGCGCa 180  
 5 ACTCAAAGTA CATTTCaATT AGAAcAAGCC TTTGTCaATG ATCCGGAATT AAATGGTAGT 240  
 TTAAGAACAG AAGTGTGCA TTTTGAACGA TTAAGTCATC GTATTTTcCA AGAAGTTGGT 300  
 AGTTATAGCG AACAAAAAGTn ATCTAAAGC 329

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1121:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 252 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1121:

ACACCTCTTT TTAAATATAT GTGAACATA TATAGTGAT AGAGAGGTTA CTTGTTACTC 60  
 AATATAACA AAAATCAACT TTGTCAAAAT AAATGTGACA AAATTAAATA AAGTGTGATC 120  
 25 AATGTGACAG TATAGATCAT TTTGCAAAAA GTCAAAACAA AAAAATTGTT TTAGGGATTT 180  
 TTCAAAATTT TCATTGTGGA AAATGATTTG nCAAAACAA ACAACACnTT GTGAGCAATG 240  
 AAGCTTCAAT GG 252

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1122:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1122:

nAATAATAGG CGCCACCTAA TAAACCAGCT GGAATGCCTA TCATTGGTGT TGTGAATGAG 60  
 CTTAATACAA TAACAAGTAT TGTTAAAGCA ATGACGTTAT ACCAAGTTAC AGTCAAATTT 120  
 45 TTCAAATCCT CATATGATTG TTTTACTAAT TCTCTAAATT TCATGATTCA ATCTCTCCTT 180  
 TTCTTAAATC AATTAATAGT TATACTGCAT TGCTTAAAAT CAAnATATCT AATGAAGCAT 240  
 CTTTTAATCG TAAGTGTTAA ATGGTTTTCT TAATCAATTT GTTTGAATGT ATAAAnAGCAA 300  
 50 TTAAAGCAAA AGTAATGTAA ATGAGGGTGT ATACAACAAT TACTACAATA ACCGGCATGA 360  
 AGGAAATATT ACCCATCAAT TTCATAAATG CGATTGCGGC 400

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 270 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1123:

AATACAACCT TTTATCATAG TGTAATGTA TTCTACCAGT ATTGAGAAGT TTTCATATTA 60  
 TTCAATACCT GAAATCGCCA TAGTAATATT ACTAAATGCA CACTGCATAT GTTGTTTAAC 120  
 AACACAACCT TAAAAATATA TTCTAACTCT ATCTACGAAT GTACTTAAAT ATCATAACAA 180  
 TCTATTCCAA ATCnAATTAC ATTATTAGCT ACCTTAAAAA CCAAACCGAG GCCTTAGGCC 240  
 TCGGTTTAAA TATATATAAC GnGCGACATG 270

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1124:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1124:

GGTCTTCTGT ATCAAATTAT ATTATGAGAG TTAGACTCAG TATTAATGAA ATCGTTGATA 60  
 AAGATCAAGT GCTTGCATCA CAAATAGGTG GATTACTATG ATGTTTAATC AAATTAATAA 120  
 TAAAAATGAA TTAGAAGAAT CATATGAATC TGAGAAAAAA CGTATAGAGA ATGAACTGCA 180  
 AAATTTAAAT GAACTTAGGC ATAGAACTCG AAAAGAAAAT GAACGTAGTT ATGATGTTTT 240  
 TCAATATTTG AAGCACGAAA TGAATTATAG TGAAGATGCC CAAAGGAAAA TGACGAGAAA 300  
 TATAGAAGCG TATGAGCAAG AAATCAATGA GATAATTAGA AAGCAAGAAT GGAAATTAGG 360  
 AAGAATATAA AGAAGACTTA AAAAAGTCTT ATGAAAAGCA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1125:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 377 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1125:

AAATATATyTC GATCATTGAT AATATGTGCT TTACTATTCC AAATAACTTT CAAATTTTGA 120  
 TAATATTCAT CAATACTCTC AATATAACTA ACCAGTTTAT ACAACCATTG GCCATCGACT 180  
 5 TTCACATATT TTTGAATACT ATTTCCAAYT TtAAGACGTG TTGGTTCATT TACAAAATGC 240  
 CCCAAATTAA TACCACTTAA TAATCCAAAT GGAGTTGGAC GTGTTGACAT TCTAATTAAA 300  
 TATTTTAATA AACTTTCTTT AGCATCTCTA ACCTTCTTGT TATCGCCATC AAAATTTATT 360  
 10 nCnTGTAAG TACAATA 377

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1126:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 227 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1126:

GTTACATTAC TGTTTCATGTC CACAACGTTT GTCAGCGATT ATCATCATTG TGTTATATCT 60  
 25 TATTTATAGC AAGTGCATGG TCTGGATAAG TAAAGGTATT CATACTTAAG TAACTTGAAC 120  
 ATTGGTTTAG GACTATTTTA ATGGTnCTGC TtAATTGTT GGCCAACTGG TTCTTATTTT 180  
 30 AAATATGTAA CTAGCTCTAC GGGTAGTTAC TAAACACATC CTGGTTT 227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1127:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1127:

CCAATGATAC CGTTATAGCA TGTTAATGTT TTTGTACGAA TATAATCTAA AACTTCGAGT 60  
 TCATCACTTA ATTTCCACGT TTCTGCTTTG TTTAACCACA TTAAAGGAGT ATGAATGnCA 120  
 45 AAATCTTTGT CCATAGCTAG GCTTAATGTT ACGTTCATTG ATTTTATAAA ACTATCGCGA 180  
 CAGTCTGGGT AGCCTGAAAA GTCTGTtTCA CATACGCCTG TAATAATATG CTTAGCCCCA 240  
 50 ATTTGATAAG CTAGAGCGCC TGCAAACGAC AAGAAAAGTA AATTTCTAGC TGGAACAAAT 300  
 GTATTAGGTA TACCATCTTC ATTATTAGTA ATTTCCATAT CATGTTGTGT TAATGCGTTT 360  
 GGAGTAAGTT GTGATAATAA TGACATATCT AAAACGTGAT GTTTCATTCC TTGATCTTGT 420

AGTTCAACTT CTTTGAAATG TTTTTTTGCA TAAAAGAGAC ATGTTGTACT GTCTTGACCA 540  
 CCACTAAAGA CAACGATGGC TTTTTCATTA TTTAATACAC TTTCCATTTT GTAATTGCTC 600  
 5 CTATCATTAA TAATATTAAT AAAGAGGTTA ATGGCATTGA TAAGCCCGTT TTTAATTTAT 660  
 AAAATAAAAA AAGCCnATCT CCATAAAAGA TAGACGAnAG AAATGGGTTG CTCCTAT 717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1128:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 595 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1128:

GATTATTGCA TTGACAACTT ATATCTATCT AACGTTAGTA GCATTTAATT TCATTTCGGG 60  
 GGTTCCTAACT TTACCAGGAT TAGCGGCGTT GGTATTAGGT GTAGGTATGG CTGTAGATGC 120  
 CAATATTATC ATGTATGAGC GTATTAAGGA TGAAGTTCTGA ATAGGTAGAA CGATAAAGCA 180  
 25 AGCCTTTTCT AAAGCAAACA AAAGTTCATT CCTAACAATT TTTGATTCTA ACTTAACAAC 240  
 AGTTATCGCC GCAGCAGTAT TATTCTTCTT CGGTGAAAGT TCAGTTAAAG GTTTCGCGAC 300  
 AATGTTATTA TTAGGTATTC TAATGATCTT TGTTACAGCC GTGTTCTTAT CAAGATTCTT 360  
 30 ATTATCATT CTTGTTTCAT CAAATATATT CAAAAATCAA TTTTGTTTAT nTGGTGTAA 420  
 AAAGAATAAA CGACATGATA TTAATGAAGG TGTAGATGTT CATGACCTTA AAACTTCATT 480  
 35 CGAGAAATGG AATTTTGTTA AATTAGCTAA GCCATTAATT GGAGTAAGTA TTTTAATTGT 540  
 AGTGTCGGTT AGTTATTCnT TATATCTCAA GTAACTTAG GAnTGAnTCT CAAGT 595

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1129:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 371 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1129:

ATTTTAACTT TCTAAGAACA AGTTGTCAAG ATTTTTTCTT AACATATCAT GTTCTGTTAC 60  
 AATATTAATA ATGAATACCG AAAGGACGAA TTGCAAATGA AAAGCGTTGG CTTAATCACA 120  
 GAATATAATC CCTTTCATAA TGGGCATCAA TATCATATTA ATCAATCTAA AAAACTTACA 180

ATCTATAATA AGTTACTCGT GCAAAATGGC TTTCCACCGC TGTTTAGTTT CGGACTACCA 300  
 GCAACTGCAG TTATCACTGG CGnCATTTGC GACTGCCGTT AAGCGCGGTT TTGGTGCGTA 360  
 5 CATGCnTGGn G 371

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1130:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 200 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1130:

ATGATGATGA GATTATGACT TTGCGAAAGA TATCGGTGCG CCTTATGAAT TTAAAACAnA 60  
 20 nTAAAGACCA TGGTCGTTAC CGGTAGTTAA CTTTGCAGCT GGTGGCGTTG CGACTCCTCC 120  
 AAGATGCTGC TTTAATGATG GAATTAGGTG CTGACGGTGT ATCCGTTGGA TCCGGGAATT 180  
 TTAAAACCAG AAGATCCCGG 200

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1131:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 203 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1131:

ATGAGCTAGT CGATTAAAGT TAATATTTGA AAATGAAGCA GGGCATTAAA TGCAATAAAT 60  
 TAAATAAGTT GTCATTAAAG CATTAATAAT AGAAATGATT TTAACAGGAA AAAAGTGATG 120  
 40 AATATTTGGA AAAGATATAT ATCGTGCACT GTCCTGAGAG ATTAGATTTG GGAAACCAAT 180  
 TTATCCnTGA ATCGAGATGT nGC 203

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1132:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 182 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1132:

ATCTAACAGT ATTGAAATCT TTGTTAGCGT CAATCGACCA TGTATTTTAA AGTATTGTCT 120  
 CTAACAACTT AGCAGGACGT CTTAACCCTT TAGTAAACAA TCCTTCTTTA GntTTTAGTAC 180  
 5 GT 182

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1133:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 485 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1133:

CAAATTTAGC CAGGnATACA AATACATATA ATAAAACTGT TTGTAAGCTT ACGTTGACAA 60  
 20 TCTGGCGTAA TTGGAAAAC TATGAATTTT CTCCAAGTAG GTTTTACCCT GTAAACmAAA 120  
 TAACAATTCm AATAATATGr AATCACAAAag CGACTAGAAA TCCGGTAATA TGACTAATCA 180  
 TATATTCAAT GTGTAaTAAT TTTAACAGCA ATAAATAGAC AACATAATAA TTTAACGTAT 240  
 25 TAATGCCGCC AACAAATGATA AATTTTAAAA TTTCAGCATG CGTTTGTGTT AGTTTCATAT 300  
 GTGTACTCCT CAACATCAnA ATATATGCAT AACTACGTTT TCGAACATAC TCGAATATGC 360  
 GAGCCAATCC GCTTCACTTC AAATATGCTT ATTTCAATCT TTATACCCTT TCACAGCAAT 420  
 30 TTAGTCTCTT TnCCCTCATC CTTATAGGCC nTATATGTAA CCGATTATCG GGTGGACTCA 480  
 TTGGC 485

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1134:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 213 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1134:

CTTGTTTTAT CGACAGATGC TGAACACGCA GTCaAAATAA ATAAATTACA TAATAAAATT 60  
 CCAATTAATC TTTTCATAAT ATCATCCTTT TGTTTTTCAA TTGATATTCA TTTTCAATTA 120  
 50 TAAAATATTA rAAGAATTAG TCAACGCCTG TGAGTAATAC ACATCAGTAA CATTICTATT 180  
 TTCATTTATG ATATTATCTA ATTATTAATT TAT 213

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1135:

- (A) LENGTH: 526 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1135:

10 TGTGACTCCA TGTATTCATG TATCATGTGA CATTTGTGAA TTGGTTGAAA ACTGATAGTG 60  
 CCCGTTTAAT TACAGGTACT GAGGATGCTT TCAGGACATG GATTTGTTTCG AAAATATGAC 120  
 AATATTTTAC TATGGCTCTT CACTTCTCTA GGGAAATTGC TATCTTGATT AATCCAATCA 180  
 15 ACCAATTCAC CTAATGGTGT GTCATCACCA AGAAAACTTT GCATAAATTC GTAAAAGCTC 240  
 AATACCTCAC CTCGATTaAT ATACTTGAGC CATTaATATA ATACCATAAA AGAATGTGTA 300  
 TTTTaCATAA AACTTTTTTaT AAAGCAATTT TATAAATCTA AATTTATTGA ATGTTTAAGA 360  
 20 AGTGTGTAT AATGAAATAA ACGTGTGAA ATAGTTAGGA TGATGTTAGT GGATATCAAA 420  
 CATATGAAAT ATThTATTGA AGTCGTTAAG CAnGGAGGCA TGAATAATGC TTCCAAATCA 480  
 TTATATATTG CACAACCTAC AATTAGGAAA GChATTAAAG ATATTG 526

25

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1136:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
  - (A) LENGTH: 321 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1136:

35

40

45

AGCAAAAGCA ATGATGACAA AAGAACAAGC TATGTTAGCA GATGGAAGTA TTAAACAAGA 60  
 TCAATATGAT AAACAACGTG TATCGAnAAT CGGAAAATCA CAATTAGATG AATTGTCTTC 120  
 TAAAGATTTA CAAGTTTTAG CTATTTTTCC GAGAGATGAA TGCAGGAACA GTTTTAGATC 180  
 CACAAATGAT AAAAnATGGA AGATGTTTCTAG TGCAAAAAGA GTATGGCAGC AGTTTTCTCC 240  
 AGCAACTTTT CCAAnATTTAC CCAGGTGTTT AACACGTCCT ATTGGATTG GGCTTAGGAC 300  
 AATTATTCCA TATGGGCGGA T 321

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1137:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
  - (A) LENGTH: 330 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

50

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1137:

ATAAATCCTT ATAAATCAT GAGTTGGACG ACTTATCCAC ACAATTATAC TTTTTCAGTT 60  
 5 CTCTATATGT CAAATACCTG TGAATATGTT GCTAAAAATA GTATAACTTT GTGTGTAATT 120  
 TCTAATTATC CACAATTCTG AAAACTATAA ATGTGCATAA GTGGATAmCT TTcCTTCTAT 180  
 AGAGTATCTG TTAGTGAGTG TATCAAAaCA GTTTGGGAAa TAATTtATAA AGTnTGTATA 240  
 10 AGAnCTGTAT AAGGTGTTCTG AACATTGTAA ACACTCATGC TTCGGACCAA ACTCATGGTG 300  
 ATGTTATGAA ATTTGATTGC TCGCATCGnG 330

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1138:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 459 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1138:

CTTGATAAGG GAAGATTTGC CAGCACCATT CGGGCCCATG ATACCAATTA TTTCGCCGCG 60  
 25 TACTGGTATC GATAAGGAAA TGTTTTTAAG TACATGCTTA TTACCTAAAA ACAGATTTAA 120  
 ATCTTTTGTT TCTAACAAAC GTTTATACCT CCTAATTAAA AGTTTAGGCT AACCTAATTA 180  
 30 ATTGTATAAT AAAGTGAAGT TATTTATCAT GTCAAGTAAA TTCGTGATAT AATATAGACA 240  
 ATGTATGTGA GGTGAAAGTA TGTAACTGA AGAAAAAGAG GACTATTTAA AGGCAATCCT 300  
 TACGAATAAT GCGGATAAAA ACTTTGTGAC AAATAAAATC TTATCTCAAT TTTTAAATAT 360  
 35 TAAGCCTCCA TCTGTAAGTG AAATGGTAGG ACGTCTTGAA AAAGCAGGCT aTGTGAAAC 420  
 AAAACCATAC AAAGGTGTTA GATTAACAGA GGATGGTTT 459

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1139:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 165 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1139:

TAAATACTCT CGCCGGTTAT TTCGCTTCCT CTATACGGAT TGGCGAAAGA TACGGTGCAT 60  
 CGGTTTCAAC TAGCAAACGC TCCATTGACA CATGCTTAGC AACTTCTTTA GGCTGTTTAG 120

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1140:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 214 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1140:

ACCTGAATGC CCATCAATGA CAGACTGGAT AAAGAAAATA TGGTACATAT aCACTATGGA 60  
 ATACTATGCA GCCAGAAAAA AATGAGGTCA TATCTTTTGT GGGACATAGA TGCAGCTGGA 120  
 GGCCATTATA TTTAGTAAAC TAATGCAGGA ACAGAAAAAC AAATACTGCA TGTTCCTACA 180  
 GCAGGAGCTG AATGATGACA ATTCATGAAC ATAA 214

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1141:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 229 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1141:

GTTTCTAGTT GTTTATAGTT ATCGCATCTC TTGATGTAAA ATCTAAGATG TTTATGCATT 60  
 TCTAGATGTT AATTCTTCGC TGCTTAAGAA TTATCTTGAT GGTAATCTA GTTGTGCCAT 120  
 GCATTTTCTC ATGATGAATC TAAGGTGTTA ATTCATTGAT GTGTGCTGTT TCTTGnnGCT 180  
 TCATTATCTT GATGGTGAAT TTCGTTGTCT AATGCACTTT TTCAAATGA 229

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1142:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 311 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1142:

TTATGAATCG TAAACACTAT TATGAAATTG CGAGAGTAGT ATGGACAATT AGAATGATGG 60  
 TTTGAGATna ATGAGTGTTA TTAACCAGTG CGTCATTTTC AAAATTAGAT GCCATTTGCT 120  
 GTTTATAATA AGAAGATTTG ATAATTA ACT ATGATAAGAA AAAATAATAA TCCCCTAAAT 180

GGTAAATGTG TGAATAGGAA TATCGTTaAA CTAGTTGTGT TCATGCTAAT TTTAGTTGTA 300  
GCAGTAGCGG G 311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1143:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 403 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1143:

GATCATGCTG CTTATGAATT ATTAAAAGAG CAATTAGAAG ATGTGCTTGA TACATTAACT 60  
GATAGAGrAG AAAATGTATT ACGATTAAGA TTTGGTCTTG ATGACGGCAG AACAGAACA 120  
CTTGAAGAAG TTGGTAAAGT TTTCCGGTGT ACACGTGAAC GTATTGACA AATTGAAGCA 180  
AAAGCACTTA GAAAATTAAAG ACATCCAAGT CGTAGTAAAC GTTTGAAAGA CTTTATGGAT 240  
TAATTTATAT CAATTTTAAT GATTGATACC AAGACATGAA TAAGCGCTTA TTTATTTTTA 300  
GATTAAGATT TAACCTGAGT GAGGTTGGTA CATTGAATAA TGTTCACCT CTTTTTTCAT 360  
AAAGGAGAAT AAAATGATTT CGTTAAATAA CCGATTAACG ACn 403

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1144:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 612 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1144:

nTTTTTATTG ACGAATnGAT TTGGATGCCA GTGGTTTGGT CCTAAATCTT GAATGGTAAT 60  
CGGTATTTTG AAGTTGTCAT GTGCTACAG GTAACCGATA CnATAAGTA CGAGTGCGAT 120  
GACAATGGTT GTTACGAGCA AGATGTATTG TAACCATTGC TTGAACACAA CAAGTTGTAT 180  
ATAAGGCTTC ATTGACGATA CCTCCAAACC AATACAGCTA AATTAAATTAT CAAAAGTGCG 240  
ATGAAsCTAA GATAGAAACT AGGGTGCAGT TCTAAATGT AGTTGTTTAA AATAATTTCT 300  
AACAAATTGAT TTGTTACAAC TGCGAACGGT TGAATATTGA AACACCATT TGCTATATGT 360  
TGTAACAAAAA TCGTAGGTAT TGTTAAACCA GATAACACCA GGATGACAAT AGCTAATATG 420  
ACTTTACTAA TACTATTCAA CAAGCCTGTT GTTAAAAGTT CGATGAGTAA TAACCACAGT 480

AAGATATTCG GAATACTGAA CACAATCCAA ACTACACCAA CGATACTCCA TAACATAGTA 600  
TAAAACCATG Tn 612

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1145:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 223 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1145:

GAATTAATTA CGCAATATCC GCATCTTAAA TCAGTAATCG AAAAATATGC TTAAAAATAA 60  
AAGTGATCAA TGAAGTGGTT TGAAGGTTGT AAATAAACCT TTGAGTCACT TCCATTTTTA 120  
AAGTATCCT GGATGGAACC AGAATAGATT TGAAGCTTCA GCGGTTTTTA ATGAAAATAG 180  
CCATTAAATG ATTTGGAAAC GGTAAGAGGG GGTATTTAAA ATG 223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1146:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 598 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1146:

CGCTACGGTT GTCACGTAGA GATTAAAGAC ATTCGTTTTA GCAGTCTTTT TTATTGAAGT 60  
AGACAATGCA AGATTAAATG GTAGTGTCAT TTCATTTTAT TCAACTGCTA GTAATACAAT 120  
ACTCAGTGTT ATTTCTGAAG ACTGGTTGAT AATGAGACAT GCATATTTAC AAAACTGTGT 180  
ATATTGTGTA TATTGTATAT ATACAGAAGT TGATAGGGGG ACGTTGATGA AAATAATTTT 240  
AAAAACAAT AGTGATTTTC CGATTTATGA ACAGATTAAG CAACAAGTAA AACAAAATAT 300  
TTTAAAGGGA CATGTTGCTC CTGGAGAGCA TTTGCCGTCA ATGAGAGAAC TTGCCAAAGA 360  
TCTTCAAGTA AGTTTGATTA CTACCAAACG TGCTTATGAA GATTTAGAGA AAGACGGTTT 420  
TGTTACAACA ATTAGAGGAA AAGGGACCTT TGTTAAGGAG CAAGATAGTT CTATTTTAAA 480  
AGAGAAACAA TTTTATACCA TGAAAATTG GGTAAAGGA ATTGGGTAA TTAAGCnCAA 540  
GCCCATCCGA ATTGCCACTT GAGGGAnTTC CAGGATATTT nACCGTCATT TATTGAGG 598

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1147:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1147:

10 CAAATCCAAG TGCAACAGCT TTATCAACCG CTAAAGCTAA ATCCGTATCA GCTTTTTCAG 60  
 CTTGAACTGG TTTGATTTGT AACTGTTCTG TTAGAAGTTG GCGTTCTTCT TTACTGACTG 120  
 AATCAAAGTC TCCCACTGAG AAAAAAGGGA TAATTTGATG CTTCAATAAA ATCAAAGCAC 180  
 15 CTCTATCAAC GCCGCCCAT TTACCTTCAT TACTTTTGGC CCAAATATCT TCGGCAAGT 240  
 GTCGATCAGA ACATAATAAA TTTATATGCA TATACACTCA ACCTTTCAAT GCTTGTGTGA 300  
 CTTTTTAAAA TCCCCTGGTT AAAGGAAAAT GAACnGGTTA CCAGCATTGT AGGCACCATT 360  
 20 TCAACACCAA CTTCGGCGGA TCnGGATTAC GCCTCCATCC 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1148:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 25 (A) LENGTH: 352 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1148:

TTTTATGGGT CGTATTTTTT AAAGAACAGT CATCTCAATC AAAAGAATAG AATTATGATT 60  
 35 AAAATTGATG TrGTGTAATT AAAGTAAGAA ATrrkAAATT TCCTAGATAC TAGATAAATC 120  
 GTTCAATATT TTATTAATAA GGAGGCCAAT GAYTGTGAAT TATCTTAAAC ATAAGTTTTA 180  
 TAACTTGTTA ACTACAATGA TTGTTCTCTT TATTTTTGTA CTTTCTGGTG CGATTTTTTTT 240  
 40 AACATTTCTA GGGTTTGGTT TATATGGATT AAGTAGAATA CTTATTTATT TTAGGTTGGG 300  
 TGACTTTACA TATAATAGAA GTATGTACGA TAACCTATnA TATTATGGCA GT 352

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1149:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 916 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1149:

55

5 GGCAAGTGTC GATCAGAACA TAATAAATTT ATATGCATAT ACACTCAACC TTTCAATGCT 120  
 TGTGTGACTT TTTTATAATC CTCTTGTTTA AAGAAAAATG AACCTGTTAC TAGCATTGTA 180  
 5 GCACCATTTT CAACACAAAC TTTCGCTGTA TCGGTATTTA CGCCTCCATC AACTTCAATA 240  
 TCAAAGTTTA ATTGACGTTT CATTTTAATA GCATTAAGAC CCGCTATTTT TTCTACGCAT 300  
 10 TGATCAATAA ATGATTGACC ACCAAACCCT GGGkTAACTG TCATCACTAG TACATAATCA 360  
 ACAATGTCTA AAATAGGkTC AATTTGTGAT ATkGGkGTAC CAGGATTAAT TACTACACCA 420  
 GCTTTTTTAT CTAAATGTTT AATCATTGTA ATAGCACGAT GAATATGAGG CGTTGATTCTG 480  
 15 ACATGAATTG AAATCATATC GGCACCATGT TCTGCAAATG ATGCAATATA CTTTTCTGGA 540  
 TTTTCAATCA TCAAATGTAC GTCTATAGGT AATGTTGTGC CTTTCTTAC TGCATCTAAT 600  
 ATTGGTAAAC CAATAGATAT ATTAGGCACA AATTGACCAT CCATAACATC AAAATGAACT 660  
 20 CCGTCGACGC CTGCTTCTTC AAGTCGTTTT AATTCATGTT GTAAATCCAA AAAATCAACA 720  
 GATAATAATG ATGGATATAG TTTTGTCAAT TAATATCTAA CCTTTCTATT TGAAATTTCA 780  
 TTAAATAGTT GTAAATAATG GTCGTATCTA AATTGCGCAA TATTCCTAT CTCTAATTGA 840  
 25 TGCnTAACCA TTACCATTAG GGTCTTGGn AAGnTACCA ATCCCAAACC TTACCATGGT 900  
 TCCCCATAA CGGTTT 916

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1150:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1150:

40 AATTGGTTGT GGCTTCATAA TGTGCAGTTG CTAGACTGAC AACACATCG TTTTCTAAGC 60  
 CTACGATAAA GACATAATCG TTTTCGGTTT TGTTGTTTTT TAATGAGCGT TTGATGATAC 120  
 GTTTATCTTC AGTTAAAGAT AAATTTAACT TAGTATCGTA AAGTTTAAGT GCTTCGTTGT 180  
 45 AATGTGGATC TTTGACAGAT TGAATGGTTT TAAATTCCAT AAGAACACCT CCCCATTTA 240  
 AATAATATTA TAGCATAATC GCCTGCTGTA AAAGACTGTT CATAACTTT TAAATGGTAT 300  
 AAAAaACTGT ACTATCTTAA ATTAGACAGT ACAGTAATCT CATTTTGAAT TCAGTGTGAT 360  
 50 AACTAAGCtT TGGGACCTTT AGATGCnTTC ACAAATGTG 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1151:

55

(A) LENGTH: 156 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1151:

10 CACCGTAGTT GCTACCGAAT ACCACCATGT CGCCAGGTTG TGCTAAGAAG TCCGGTGTAT 60  
 TTTGGTATAC AGTTAGCTAA TCCGTCGAAG TTGTTAGCGA CGGnATATCT TTTGACCTAA 120  
 ACCTTTTAGA GTAATCCAAA CAAACTTTC CAACCA 156

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1152:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 233 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1152:

25 TCAATATATT TATTTTCTAA TGTTAGCATT AGACTGTCAA TTAAGTTGCT AAGTTGTTCT 60  
 TTTTGTAGTAA TTAAATAACG CATATAATCA TCTAAATTTT TCATTTTTTC ATCTAGCATT 120  
 30 AAAAGGTAGT GCTTGATATT ATTTCTACTG TTGCTCCAAA AACTGnTCAA ATATACGTCA 180  
 CATAGTCATA CTACACCTTT ATATAGTTTA AATACCAATn GCATGACCTC GTG 233

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1153:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 339 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1153:

45 TATATTAnCT ATCGTTTAGT GAATCGTTTT TTAAAGTAA AGAGAATTTT ATATATTACT 60  
 GGTACAACCTA CAAGTGTTAA TAAAGTTGAT GAAATTmAAC CACCAATAAC TGTCAGCAGT 120  
 AATCCTTTTCG AAATAAGAAT CGnGCTATCT TGACCAAATA ACAnAGGAAC TAATGCACCA 180  
 50 ATTGTTGCAA TCGCCGTCAT TAATATCGGT CTAATTCTAG TACCGCCTGC TTCGATTAAAT 240  
 GCTTCTTTCA TCTCCATGCC CTGTTGCTCA TTATTAATAA CACGGTCTAT TAACACAATG 300  
 GCATTTGTTA CTACGATnCC AATTCAACAT TAGCATACC 339

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 817 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1154:

GTCACCCGAG GAGATATnCA ACTATTACCA TCAAGATGnG AAAAATGGTg CCTTGGGCAA 60  
 TTGGTTTTTT CATTTTAATC TTAATTATTA TATTGTTCTT TTTACTAAGA AACTTCAATT 120  
 CACCTGAAGC GCAAACATAA ATATTAGTGA ATGCGATTGA GAATAATGAT AAACAAAAG 180  
 TAGCAACATT ATTAAGTACT AAAGATAATA AAGTAGATTG TGAAGAAGCA AAAGTATACA 240  
 TTAACATAT CAAAGATGAA GTTGGGCTTA AGCAATTTGT CAGCGACCTT AAAAATACGG 300  
 TACATAAATT GAATAAGAGT AAGACCAGCG TAaCTTCTTA TATTCAAACC AGATCTGGTC 360  
 AAAATATATT ACGTGTAAGT AAAAATGGCA CACGTTATAT CTTTTTCGAT AATATGAGCT 420  
 TTACTGCACC TACCAAGCAA CCAATTGTTA AACCGAAAGA AAAAACAAAA TATGAGTTTA 480  
 AATCTGGTGG TAAGAAAAAG ATGGTTATAG CTGAAGCAAA TAAAGTGACG CCAATAGGTA 540  
 ATTTTATACC GGGGACATAT AGAATTCCAG CTATGAAATC AACTGAGAAC GGTGATTTTG 600  
 CAGGCCATTT AAAATTTGAT TTTAGACAAA GTAATTCTGA AACGGTAGAT GTTACTGAAG 660  
 ATTTTGAAGA aGCAAATATA TCTGTAACTT TAAAAGGCGA TACAAAATTA AATGaTAGTT 720  
 CTAAAAAAGT AACTATAAAT GaCCATGAAA TGGCATT TTC AAGTTCCAAA ACGTATGGTC 780  
 CATATCCACA AAATAAAGAT ATTACCATTT CCAGCTT 817

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1155:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 322 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1155:

AnAGAAAATC TACTCTTTTA TTTCACCGGT CCTTTCnTAT CTCTCATTTG GCATACTCCT 60  
 TTTTCCATAT TTTCCACTTT CAnTACAGTG AATTTACATG TAATTTTACA AATACAATAG 120  
 GAGTGACAAA TGGAATATAA CACTTATCTT TATAAAATTA TTTTATATAT TGaCGCACTT 180  
 AAAACAATCT ACAAATAAAA TTATTATTTT TAGTTTTCAA TGAATAATTC ATTCTTATCT 240

ATTTAAAAAT ACATTTAACT GC

322

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1156:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 777 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1156:

GTTTCCAAnG GAAnGnGAAA AGCGTCAACC AATGTAActA TTTAAAGTCA AAGTGTTTGA 60  
 CCAAATTTGA CTTAATATGT AAAATAATGA GTAACAGTTA TTACAAGGAG GAAATATAGA 120  
 TGAATTTAAT TCCTACAGTT ATTGAAACAA CAAACCGCGG TGAACGTGCA TATGATATAT 180  
 ACTCACGTTT ATTTAAAGAC CGTATTATTA TGTTAGGTTT ACAAATTGAT GACAACGTAG 240  
 CAAATTCAAT CGTATCACAG TTATTATTCT TACAAGCGCA AGACTCAGAG AAAGATATTT 300  
 ATTTATACAT TAATTCACCA GGTGGAAGTG TAACAGCTGG TTTGCGGATT TATGATACAA 360  
 TTCAACACAT TAAACCTGAT GTTCAAACAA TTTGTATCGG TATGGCTGCA TCAATGGGAT 420  
 CATTCTTATT AGCAGCTGGT GCAAAAGGTA AACGTTTCGC GTTACCAAAT GCAGAAGTAA 480  
 TGATTCACCA ACCATTAGGT GGTGCTCAAG GACAAGCAAC TGAAATCGAA ATTGCTGCAA 540  
 ATCACATTTT AAAACACGTT GAAAAATTAA ACCGCATTTT ATCAGAGCGT ACTGGTCAAA 600  
 GTATTGAAAA AATACAAAAA gACACaGATC GTGaTAaCTT CTTAACTGCA GAAGAAGCTA 660  
 AAGAATATGG CTTAATTGAT GAAGTGATGG TACCTGAAAC AAAATAATTC AAAGTAAAGA 720  
 GTAGACTAAG CnGTCTGCnC TTTTGTATG AGTAAACCAA GGTGTCAATA ATTTGTn 777

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1157:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 155 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1157:

TAATGTTGGT AAATGGGTTA AGGCTCAAGG TCGTATTGAA GAAGATACAT TTATTAGAGA 60  
 TTTAGTTATG ATGATGTCTG ATATTGAAGA GATTAAAAA GCGACAAAAA AAGATnAGGC 120  
 TGAAGAAAGC GTGTAGAATT CCACTTGCAT ACTGC 155

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1158:

```

10  GACTGGTAAA ATTTACTTGC AAGTAAAGCT AAAAGGTCAA ATAGATAAAG AACAACTTGT      60
    TTTTCAAAAT GACAAAAATG AAGAATTTCC TTTTGTATA AAAGATGAAA AGGATGACAC      120
    AATAGTAAGA ATTTTAATTG AACAGCATAT GGATAAAATC AATATGCATG TTAAAACGTT      180
15  GGCTGAAAAG AAAAATCTAG ATAACAAAGA AATGGTGTAT TCTATTCATT TTAAAGAGAA      240
    AAAAGTACAA CATGATGATG CAAAAGAAGT GCCTTCAAAA CATCAAATC AAGAAAATAA      300
20  TCAAGATCAG CTTAAAAAAG ATATTGATGA CAAAaAGAT AGTCAAAAAT CAGATACTAA      360
    GGGAAAGACG TACTAGCCTT TTTACTGGAA AAAGGGTTTA      400
  
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1159:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 347 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1159:

```

35  GTTGGTACAG TGTGAGTGG CTTTGAATAT CGAACACAAA AAGAAAAGTA TGACAATTTA      60
    TATAAATTTT TCAAAGATAA TGAAGAGAAA TACCAATATA CAGGCTTTAC AAAAGAAGCA      120
    ATAAACAAGA CGCAAAATGT CGsATATAAA AATGAATATT TTTATATCAC TTACTCGTCA      180
40  AGAAGCTTAA AAGAATATCG TAAGTATTAC GAACCATTSa TTCATAAAAA TGATAAAGAA      240
    TTTAAAGAGG ATGGACCAGC CAGAAAGAGT GATTACGCGC TATCAGTCAG TACACATGTT      300
    AGTCCAGGAA TTTCTAGCAT CnGTGTGTGA ATGAnGGGTA CTTTATn      347
  
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1160:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 203 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

ATAGTTATTA ATTAGTAGAA TGAGGATATT TAAATATAAA GGATAGTGTT GAACTTATGG 60  
 ACATGAATTT CGATTATACA TGAACGGTGT TGTAGAACAA GCAAGGAATG AAATTGAATC 120  
 5 TCGGGGATAT GAGCAATTAA CTACTGCAGA AGATGTTGnA AAGTCCAAGA TGGnCACCTA 180  
 GTTATGATCA TCTGTATGTG GTG 203

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1161:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 203 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1161:

20 AATTTTCCnT TTCCATTGAC ATAACAATAT TTAATGGGGC CCAGTTACAG GAAATATCAG 60  
 TTAAATTTTCG TCTTCAATAC CATAGTCATA ATATTGAGTT TCTTGTGTTG GAAAATTTCC 120  
 25 TACATAGTTA CTCATTTTAA TTTGTnCAAT GTTTGAATTC GGAGGCACTC TGTTAGCATA 180  
 TCTTTAAACA TTAAATATGG ATA 203

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1162:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 220 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1162:

40 GCCATTTTGT TGATAAAGGT ATACTAAAGG TTATCGTTTT GAAATTTTGA GTAAC TAGGA 60  
 TATGTTTCGT GTTATAGGAC CGGAATTTGT GGTATACGGT AAAATTTTAA TGCTATTGGA 120  
 ATTTTAAAAA ATGGAAAAAC ATGGACATTh AAATTGGAAT TTCATAATAT GTCCTAATTG 180  
 45 GACTTAACTT GTTGGGAGTT CATTTTACTA TTnTATGGT 220

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1163:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 409 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - 50 (D) TOPOLOGY: linear

TTCACGTGCT TTGCCATCTT TTAAGAAAAA CACAGAAGGC TTTTGCAATTT GATTGTAATT 60  
 GGATGCCATA GAGTAATGAT ATGCACCAGT TGATAATATA GCAAGATAGT CTCCACGTTT 120  
 5 GACTGGATGA AGGTAATTTA GCGTCTTTAA TAATGATATC ACCAGACTCA CATAATTTTC 180  
 CAGCTATAGT TACACTGtCA TCTGCTTCTT CATTTCTATT AACAAGCAAT GCTTGATACT 240  
 TTGCGTCATA AAGTGCAGTT CTGATATGAT CACTCATACC GCCATCGATT GAAACATATT 300  
 10 TATTATtCTC TGGAATTTCT TTAATGGtTC CAACTTCATA TAAAGTAACG CCAGCtTCAC 360  
 CTACAATTGA TCGTCCCGGT TCAATACCTA TTTCTGGTGC ATCTATACC 409

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1164:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1164:

CTAAATAATT GTTTAAATTT TTCTTTACTA TTTAGACTCT TTCGTTTGCC ATGACTTTGT 60  
 TGACTTGCAA TGATATGAAC TTAATTTTTG CGAAAAAAGG AATCTAGATT CATATATTCG 120  
 GTAAATCTAC CTTCTTCATC TTTTGAAGT TGTAATTCTA GCAATTCACG TTGTATCAAA 180  
 TTTTGAATAA CCATTGTAAT ATCACGTGGT TGCATAGTTG AGCCCTTCTG AAGCAATTCA 240  
 ATTGAAGGCG TTTATTTGAG TTTCGAAGCA TAAATCAATT TAAGCAAAAG ACTAAATCTG 300  
 CTCATCTAAA CCTAAGTCAC GTAAGGTCTA ATAATCnCTC GTATCACTAC GGTCTGCTTT 360  
 AATGATATTA nCCAGTnCGT GCCCCTTTAA ATTAACCA<sub>n</sub>A 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1165:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 327 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1165:

TCGTGATTAT TATTAACATT TTTTAGTAAT TGATAAAAAT CTTTTCTCGC TTCTGTAGGG 60  
 CTAGTGATAA TCATATAAAC CCTCCTTTGT TTTCTGTTAC GCTAATTATA GCGTACGCAC 120  
 TTGAGTACGT CATATTACCA ACGAGTTCAT CGTATnCTTA ATACCTATAT GCTATCGTTC 180

GGACACACTA CCGTnCCCCTA CCGCTTAACC ATTTTCGGGC TTAAATATTT TnAAAATTTT 300  
 GTGAGGATCC GCTTAAAAAA CCCATA 327

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1166:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 148 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1166:

TTAGGATTTT AAAAATATGT CAGGTTTTCT AACATAAAGC TTAAACATT GATATAACTG 60  
 CGATTTTCGAC TTCTAAACG aCATrAAACA ATCTACAGCT AAAATATTTT TTCAATTTTT 120  
 AAAAATAATC nGATAAATCT CCGCAAAA 148

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1167:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 243 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1167:

nAAGGTTATC GCTCGTAAAG ATGTTGTTGA AGAAGTATTT GACGACAGAG ATGAAGTGA 60  
 TTAAAGTACA GCGCTTGTTA AAACCCTGCA TATGAAATTG GTGTATTACG AGAAGAGTAC 120  
 ACTAAAGTTT TGGTCGTGTA GGTCTCAGCA GCGAACAGCA GTATGCACGT CTnCGTGTGC 180  
 TGACGTGAAT TTTATTTGAG GATTATAGAC AAGAGAGACA ACTTACTGGA TTTTGCCCTG 240  
 TTG 243

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1168:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 321 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1168:

TTATATACTA CTATAAAGTA ATCCAACCTCT CAAGAAGGTA AATGGGCAAT CAAAAGCTAA 60

CTACGATATG ACGCACAAAT GTTTAGGGTA GGTGTTGACA TGTGTACAAA AACCAGCAGA 180  
 AAATGGTTGT ATTCTTAGGG AAGCATTTCAT CCTGTTTGTT TATGGATTCA TGTTACGTTA 240  
 5 CGCAATATGT TTTTATGTAG CACAGCGAAG TTACAAGTTT ATACGCTATA TATCCnTTGA 300  
 TnATAAGCAG ATGAAAnCGG C 321

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1169:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 191 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1169:

20 TCTACATATA AAATTACTCT AAAAATATGT ATAGTCATAA ATTGTTGGTT GATTTAATTA 60  
 AAAGTATGGA AATTAAAGGGG CTCTTATGTA TATAAAAAAA TGAATTATGA TAAAATGTAA 120  
 GAnAATATTT AGGGTCGATT GGAGAGATAC CAGTGGTACC AATTAGAAGA CGACAGTTTA 180  
 25 ATGTTACCAT A 191

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1170:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 303 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1170:

AATGTGGCAA GGATGTGTGA TATGACTACA CATTTAATAT CATCCTACAT AATAATTTTG 60  
 40 CGCGCCAAAT TATCACACAT ACCACACCTA CGATAACAAC CAGCAAATAA GGAGATAGCT 120  
 ACACGTATTT ATCGTCCAAC GCACTACTAT ATGTTGTTGn ATGGGCACAA GTTACAAGTG 180  
 CTGCGCGATA nCAAAAGGTA TACCCCTAAA ACGTCCCAAA AnAATCGGTT GCCCTCTAAA 240  
 45 TTGTTTGTGT GCCATGATTA GTAAGCTCCT ATGTTAGAAA CAAATTTTTA ATATGTATAT 300  
 TAG 303

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1171:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 299 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1171:

5 AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGnACGCCA AACTAAAAA ATCCATTAAC TGGAGAAATT 60  
 ATTAGTAAAG GTGAATCGAA AGAAGAwATC ACAAAGATC CAGTTAATGA ATTAACAGAA 120  
 10 TTCGGTGGCG AGAAAATACC GCAAGtCATA AAGATATCTT TGATCCAAAC TTACCAACAG 180  
 ATCAAACGGA AAAAGTACCA GGTAAACCAG GAATCAAGAA TCCAGACACA GGAAAAGTGA 240  
 TCGAaGAGCC AGTGGATGAT GTGATTAAAC ACGGACCAA AACGGGTACA CCAGAAACA 299

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1172:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 821 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1172:

25 CCATAGCACC ATACCCATAA CCAACCCGGA TCCACTAACA AATAAGTAAT AATThACACG 60  
 TAAAGAAGTA AATAGTTTGT TTAGTTTTTT ATCAACATTA TCAATGTTTT CCTCGACAGA 120  
 30 CACTGGAATT TTAACGATAG CTGTACCATT TGTAATTGAG TAGTTCGTTA TTTCACCCAT 180  
 ACTACTATTT GGTAaATTG TTAATTCTCC TGAAATTGTA TTGATTCGTG TTGAACGAAG 240  
 TCCAATTGAT TTAAGTGTTC CCTCTGCTAC AGTTGTACCA CCGTTATTTA TCTTAACATA 300  
 35 ATCACCTACA TCAAATTGGC TTTCAAATAT AATAAGAAT CCTGTAAtTA CGTCTTTAAC 360  
 TATAGTTTGA GCACCAAAAC CTAAGTCTAA GCCTACGACA CCAGCACTGG CAATTACCCC 420  
 TTCAACACTA ATGCCAAATT TACTTAAAT CGTCGTAATA ACTATAAACC AAACGATATA 480  
 40 CTTCACTACA TTTTGAACAA GAGATATTAA AGTTTTAGAG CGCTTTTTGT TACTCTTTTT 540  
 ACTTTTATTT TGAATCTTAA ATCCCTGTTC AATCATTTTA TTCAGTATTT TAATAACTAT 600  
 GAGGGCTACG ATAATATAAA TAACAATCAT AGCGATTTTA GTTGCAATGT TTTCATATGT 660  
 45 TTCTATTTTT GTTAATGGCT CAAATAGAGA TGAAATAATA TTCATGACTT GATTCATGAT 720  
 AAGCGTTACT CCCTTCTATA TGATATATCA ATATTGLATT CATATTTtga TATACTTCCC 780  
 50 AACCTACGAA AGTCTCAATA TATCTAGAAT CAAATGGTCA C 821

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1173:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 318 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1173:

	CCCGAAATTA AAATAATAAT GTATGAATTT TTAAATATGA TTAAACGTT TTCAGTTTTT	60
10	ATGAAAACGC ATGCATTTTA CAAATAAAAA TGGTACGATG GCACTGGTTA AAACGTTTTA	120
	CTAAAAACAA ATCATGAGGT GTATAACATG GCTGTCTCTT GATCAGATCT TGATCCCCTG	180
	CGCCATCAGA TCCTTGGCGG CAAGAAAGCC ATCCAGTTTA CTTTGAGGG CTTCCCAACC	240
15	TTCCAGAGG nCGCCCCAGC TGGnCAATTC CGGTCGCTT GCTGTCCATA AAACGCCCCA	300
	GTCTAGCTAT CGCCATGT	318

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1174:

20

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 206 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1174:

30	GTTTTAAAGC GGTTATAAAG GTAAATATGC AATATTATAA ATATCTTCTT CAGAACTAAC	60
	CGAATCTCTT AAACATCTT GTTTAGATAG CGTTTCAAAT TGATAAGTTT TAATTTTAAC	120
	CGTTACAGTT TTAGCTGACT GCTGTAATTT ATTTGACGTG CAGCTGTTTT CCTGACAATn	180
35	CCATACTGTC TTAAAnCTCT GCATCA	206

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1175:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 653 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

40

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1175:

	TCTGCATCAT GATATTTTAC ATCATCACTT ATAAGAACGT CACCTACATT TAAACTTTCA	60
50	TCTAAAGCTC CAGCAGAACC TGTATTAATA ATGACGTCCG GTTTAACTT ATTAATTAAT	120
	AATGTCGTAG AAATTGCAGC ATTAACTTTT CCAATGCCAC TTTGGGTAAT CACTACTTCT	180
	CTATCTTTTA AAATGCCAGT ATAAAATTTA ACATGTGCAA CTGaAATTTT GCTTAATTGT	240

55

TTTTGATTCA CCTCTTTTAA AAAATCCTAG CATTGTGTTAT TTTATCACAT TTTAATCACT 360  
 ACAACGACAA GTATCATGAT TTTCATTACT GTATAAAACT TTTGCTTTAT TTTTATAAAA 420  
 5 AGCTCTTTCA ATAACCTGGT ATCATAAATA ATTATTTTGT AACTCATAAC AGTGAATTCG 480  
 ATGCTTCTAA TTTGTCTATT TTTCAAAAAC TAATCATATC AATTACATCA ACCAATCGTG 540  
 10 TCAAGAAACT TTATTAAATA ACAGGAAAAT GATATGTTTA AAATAATAAT GATGAAATAA 600  
 GAGGATTTTA CAATGGCTGA AAATAATCAA AATAGTCTCG TAACAAAGAT AGC 653

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1176:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 410 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1176:

ACATGGCCGT TnGnATCAAG ATCGTCAACG ATTGATTGGT ACAATTGAAG TGCCTATGAC 60  
 25 ATTGGCAACC GTTGGCGGTG GTACAAAAGT ATTACCAATT TGCTAAAGCT TCATTAGAGC 120  
 TACTAAATGT AGAGTCAGCA CAAGAATTAG GTCATGTAGT TGCTGCCGTT GGTTTAGCGC 180  
 30 AAAACTTTGC AGCATGTCCG GCGCTTGTGT CAGAAGGTAT TCAACAAGGT CATATGAGTT 240  
 TACAATATAA ATCATTAGCT ATCGTTGTAG GGGCAAAAGG TGATGAAATT GCTAAAGtAG 300  
 tGAAGCTTgA AAAAGAACC CCGTGCAAAT ACACAAGCAG CGGAACATAT TTTACAAGAA 360  
 35 ATTAGACAcA ATAGTAAAgG CGAtAGCGAT TaAAGAAAGT TAAGTCAGTC 410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1177:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 146 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1177:

CATCAAGATA ACTACGGTTA TAATCCAAAC GACCCAACAT CATATAACTA TACTTACACT 60  
 50 ATTGATGGCA CAAGGTAACCT ACCATTACAC ATGGGAAAGG TAACTnGCAT CCAAGTCAAT 120  
 TAAACCAAGA TAATGGCTAC TACAGC 146

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1178:

(A) LENGTH: 225 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1178:

10 TGTTCCTGGT GGAACCTTGG TTTCTTAATG TCATTCCAAA TTGCTGTATA TTCATTCAAT 60  
 GGTATTGAAC TTATAGGTGT ACTGCTGGTG AACGAAAGAT CTGAAAAAAC CTTACCGAAG 120  
 CAATTAATAA TGTACTATCC GTATTTATAT CTATATCGTG GTnATATAAT ATGTCATCAA 180  
 15 CTGGATnTAC GTCAATAGAC CTTGTAACC TTAATATCGC GACAT 225

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1179:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 319 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1179:

TGTACGCATA TGGTATCACT TGATGACCAA TTCACCTTGT CGAGAATAAC GTTATTTAAA 60  
 30 GACATTGATT TAAAGAATTG GTATTnCGTT AATTGTATTA GACTTTTCAC AGAAGTAGCG 120  
 ACAACAATGA TTTCATCGTA ACACGTGCGC ATATnAAGCA TGGGAAAAGA CATGGnCTAT 180  
 TGACCTGGCC TTTTGTGCAC TCGTACGATT GGTCAAACGT GGCTATATTG AAAGTTTGAA 240  
 35 ACAAGATGCG ACGGACACAC ATGCACGGGT GGGGATAGAT CTTGAGTCTT ATTGAGACGC 300  
 TGTGACTGTG GCTGACATC 319

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1180:

40

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 654 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1180:

50 TTTTATCTTG GTTTTGAACT AGATATGTGT AGTCAGGTAT AACATAATCA ATCCCTAATA 60  
 AGTTATCATC AGGGAATTTG ATACCTGCAT CGATAATGAC AATTTGCTCT TTATACTCAA 120  
 CTGCATAAGT ATTTTTACCG ATTTACCTA GACCTCCAAG TGCATATACA CCTACTTCAT 180

55

TTCGTAATCT AAATGTGCGC CCTCTAATTT AGTGATAAAT TCGATATTAA AATTACGATC 300  
 TTTCAAGTAA CGACGTACTT GTTCTTCTGT TTGAGCTTCA ACATAAAGTG ATTGTGTATT 360  
 5 TTCACGCACA ATTACCTCGT CTCTGTTATG TTGATAaAAA ACTTTAAATA CTGCCATGTT 420  
 AAAAATTCCT CCTAAGAATG TTTGTYTAAT TTATTGTAA CCCTAGLAAA ATCGTATTGG 480  
 AGTATATATC GATAAATTCA TTCCAATCAT CTCTATAATG TAACTTAATA ACGATTTGGT 540  
 10 TAATAACTAG GTTCATCATG TCGTTCATTT TAAAAAATTA GTGAAATAAC ACTAAAATTT 600  
 CAGTTAAATC TTATTTTACA TGATGAATGA TAATAAATAA AGCAGTTTAT CTCA 654

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1181:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 231 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1181:

25 CGGGTATATT ATAGACAACG TTTAAGGACT TCTTTTAAAC TAACTTGTTA AATGTTGCTG 60  
 TATTTTTGTA TTCAACACTG TAATATAGTT CTTCTGACGC TGATGCATTA CTCATTGTAA 120  
 TAGATATTAA AAGACTCAAT ATTATTAaAC TAATAATAGC GCGCTTTATG ATTTTCATAT 180  
 30 TCTAATCTCA AATGAATTCC AGAACTTTAT ATGGTTCAGG TGCGACAACA T 231

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1182:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 245 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1182:

TAAGTTTATT AAGCTCTTGT CCGTTAGCAA TCACGCTACC GCTAGAAATT TGGTCAATTG 60  
 45 AACTTAGTAC ATTTAATAAG GTTGTCTTAC CTGATCCAGA AGGCCCCATA ATCGCACGAA 120  
 TTCGCCTTTT TGTATGTCAA GTAATATCTT AGGCTGAATG GTGCTTTACG AGTTTGAACA 180  
 GTGCCGAAAA CGCAAGCCCC TTGATATCTT AAATGTGGAG ACTACAACnC ATCAGTGnCA 240  
 50 CGGGA 245

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1183:

(A) LENGTH: 490 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1183:

10 AGGTAAAGAT GATGGTGTAG AAGTTTATGT GCATTGCGAA GATCATGGCA TTGTATTTAA 60  
 TGCAAGTCTA CCTTTGTACA AAGATGCCAT CCATCAAAAA GGATCAATGC GTAGTAATGA 120  
 CAACGGTGAT GATATGAGTA TGATGGTGGG TACAGTGCTG AGTGGCTTTG AATATCGAGC 180  
 15 GCAAAAAGAA AAGTATGATA ATTTATATAA ATTTTAAAA GAAAATGAAA AGCAATATCA 240  
 ATATACAGGT TTTACTAAAG AAGCAATTAA CAAGACGCAA AACGTCGGGT ATCAAAATGA 300  
 ATATTTTAT ATTACATATT TATCAAGAAA TTTAAAGAA TATAGAAAAT ATTACGAACC 360  
 20 ATTGATACAT AArcaATGAT AAAGAGTTta AAGAAGGTAT GCAACGAGCT AGAAnAGAGC 420  
 TAAACTATnC TGCTAATACA AATACTGTAG CAACGTTGTT TAGTACGAAT GATGAAAGGA 480  
 ATAGAAAAGA 490

25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1184:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 153 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1184:

35

CTCGCATTTT AATAAATCAT ACTCTTCTTT TCTTGCATAC GAATTAGAAT AACTCGCGAG 60  
 ACCTATAAGT CTCTTTCCTC ACTAGATAGT TTATACTTTT GGTChGTTGA AGTCAATAAT 120  
 40 TTTATCTAAA GCTATAAAAA ATCTTTTGAT AGC 153

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1185:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 164 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1185:

TCATTTATAT ACTGTATCAC GCTATCTTTA GTATGTGTGC ATnATCATTC GTTAGTGCCT 60

55

AATGAACGTT ATATTTTAAT TCATGATTTA CTAAGACCAA CAAT

164

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1186:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 143 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1186:

CACAAGTGAC GTCATATTAT AAAAGTCACT CGGTTTGC GA TACGTTCTGT CTAAGAAATA 60

GCGACGTGCA ATTTTCATATT TTnTATAAAC ATCCGTTGAA AAAGGACATA AAACCATGCG 120

TTGAACCAGG GTCTATACTT TCT 143

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1187:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 209 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1187:

CGTACAAGTT AAAACGTTTA TACGATTACG AAAAACCACC GAAGAGTGAG AAAGATCCAA 60

TGTTGTGATA TGCAGTAAGT GCAGGATACA AATGGTTCTT TGCTTATCCA GATGAACATA 120

TAGAGACTGT TAATACATTA nCAATCCCTA AAGATGTCTG TTTATTAGCT CAGCATGAnC 180

ATACAGTTCG GTCACATAGT GTCAATTCA 209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1188:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 243 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1188:

TTGGAATCGC TGTCGACGGA TAGCAACCTG GATTGTAAAA ATAATGTTGG CTTTAAAAAT 60

ACCGTGGCAA TATTAAATGA ATAATCGCTG CTGAATATAC ACCCAATGCA CATTGAACTA 120

ACATAAnCCC ATTTGACTCA TCTACGCCCA CTATTGGCTT TATAGTCACT GAACTAAGCT 180

TAT

243

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1189:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 527 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1189:

CACCAGGCAT TACCATACCA GCACTCATAC CACCAATCAC KCTCGATAAC ATCAATACCG 60  
 AAAAATTGTG GCCAACTGCA AACATAAATT CTGACACTGA AAACAAAATT AATCCTATAC 120  
 ATATAATTAA TTTCTTCCCT AATTTGTCAG CTAGCGTACC ACCAAACGGC GATATAATCA 180  
 TTTGAGATAA CGCAAAAGCA GCAACTAGTA ATCCTAAATC ACTACCAGTT AATCCCAAAT 240  
 CTTTTAAATA AACAGGCAAG ACTGGTATTA CTAAACCGaT ACCTAAAAAA ATCAAGAAAA 300  
 TATTAAAATA TAAGACAAAA ATCTGTTTAT TCATATGCTC ACCTCTTTTT TCTCCATGTC 360  
 ATGCTTAAAG CTGTTATTCT TCTTTTCCAC GACAGATTGC AATTCATGCT AAATATTCGT 420  
 AAAAAGTTTC TATATTGTAT TACAACATTG CTACATTGA CAATATTTTt TCTTTGTAAT 480  
 TATCACTATn TTCCATTAA TTGTATAATT AATGACATAT TnnAATA 527

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1190:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 889 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1190:

AAAACGTGGC AGTAATTCAG TGTATGTTCA ATATGATGAT ATTATGTTTT TTGAATCATC 60  
 AACAAAATCT CACAGACTCA TTGCCATTT AGATAACCGT CAAATTGAAT TTTATGGTAA 120  
 TTTAAAAGAA CTGAGTCAAT TAGATGATCG TTTCTTTAGA TGTCATAATA GCTTTGTCGT 180  
 CAATCGCCAT AATATTGAAT CTATAGATTG GAAAGAGCGA ATTGTCTATT TTAAAAATAA 240  
 AGAACACTGC TATGCATCGG TGaGAAACGT TAAAAAATA TAATAAGATA ATAAAGTCAG 300  
 TTAACGGCGT ATTCAATTGT AAATCTTGTT GGATTTTAAC AAGATAACTA GCAAATGCAC 360  
 TGTATAGCTG GCTTTTTAAT TTTATTAACA AAATTAAATA TGACGCGTGA ATTAAAAAAT 420

CTCTACAATC CTATGGCGCA ATTTTAAACA AAATATACTA AATtTGAAAT TGACAGTTTC 540  
 CATAAATAAA ATGCTATAAT TTCCTACTCC GTGAATCTTA TTTTGTTTAA AAAACAGTG 600  
 5 TAGCACAAGm TTCAACTTGT TTCCTACACT GTTTTATAAA TGAATTATTT AAAATGCTTG 660  
 TTCAACCTCT TGTAATGTTG GCAAACCTATT AATAGCACCA TACTTCGTTG TCACTATTGC 720  
 AGCAACGCGA TTGCTAAACG CTAAAATTTT CTCACCTTCA TTTTCAAATA ACTGAGTTAA 780  
 10 ATTTAACACA TCGGTTGCTA AAATCCTGCT AATAACTGCA CCAATAAATG CATCCCCTGC 840  
 CCCAGTTGTA TCAACAGGTT TTACCTTATA GCCACTATGA TAATGATTA 889

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1191:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 254 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1191:

25 AGTTAAAGGC GTTGAATTAA TGGCCTTCCC ACACATGACA TATAACAAG CGTGCGCCTA 60  
 TGGTCTGATA ACCAGATACA CGTTTGAATG GATTAATTGC GTTCTCAATT AGGCGTGATA 120  
 TGGCTTTAAA GATTThAGTC TGTTGAAATG ATGGTGAATT AAAGCATTGC GCTAAAGGTG 180  
 30 CACTGACAAT ATCTCGTAAA GATATGGTGC TTTAACAGAT TTGTAACATC TATGGTCTAA 240  
 nGATACGGGG TTAA 254

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1192:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 189 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1192:

45 GGCTCATAAG TTACACCTAA TGCATCTTCA TCTGGAAGCT GTGGTTTATC ATCTTCTAAA 60  
 TCAGCAGTTG GCGTTTTTTC ATATAATTCC TTTGGCGCAC CAAGATACGC TAATAATTGA 120  
 GCTGTGTATh CTAGGCATCC ATACCGTATT CGTTAAACCA GTATATTTC GCTGAATGAT 180  
 50 CTGTCCTAC 189

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1193:

- (A) LENGTH: 215 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1193:

10 TTGATATTGA TCGATGACCG GTGATGTGAA ACTGAACTG ACCAATGAAT GAAAAAATGG 60  
 GCAATGTTTT TGACAACAAT GGTCATTTAC CAAATAAAAA TATTGnCACCT ATTAATACCT 120  
 GnCAAACGTG TTTGTTCTTA AACCTAAAAT GATAAATCCT ATTGAGATTA TGGACTTGGT 180  
 15 AAGCTGCAAT CTTTTTAATA TCTTTATAAG CAATG 215

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1194:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 158 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

25

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1194:

AGAATTTGCh ACTGGTTTAC CAACGCATCT ATGTTCCGTC GCTATACCGC ATACAGATGT 60  
 30 CGAACATATT AACCATAGAA CGTAGGTGTG GTGTTCTAGA AAAAGAAGTG CCGTTATTGA 120  
 AATGGGACAC TTGATCAACA GCCGAGTGAA ATCGTTTT 158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1195:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 180 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1195:

45 ACTGATTGCC GTGTCTGTGG TTGATCATTG ACTAATTGTT GGCCATCATT GGnTTCTTGG 60  
 TCTAATAGTC CTCTTGCTCC TGCCTCGTAA CATTGATGCC AATCATGCAC CACAGCCTTT 120  
 CGGTTTCATCA TAACATTTCT GCCAATGTCT CTACATGACA CGGGCTCATA TTTCTTTCTG 180

50

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1196:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 274 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1196:

5 GTTAAAGCGA ATTATTCACA ATATAAAAAA TCATCTGATC AAGTCGTATT AGAATTAGGT 60  
 ACAAATGGCG ACTTTACTGT CAAACAGCTC GACGATTAC TTAATCAATT TGGaAAAGCC 120  
 AAGATTTATT TAGTTAATAC ACGTGTTCa AGAaTTmTG AGGgCAAATG TAAATCGATT 180  
 10 ATTaGCTGAC GCGGgCGAAA CGGAAGTCCC AATGGTCACA TTAATTGGAT TGGGTATTAG 240  
 GCGCTTCACA AGGGACCTTG GTGGAATATT TTTG 274

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1197:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 154 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1197:

25 ACGTAACCTA TATTCATCTC TGTTCcCAAT AATAATAACA ATACATAACT GATATTAGCT 60  
 GTCTTTcATC TCTAATTAAT ATGCGTCATG AGCTAATATC GGTTATTTTT TTGTGTCAAA 120  
 nAATTTTTAT TTTATCTCTC CATCGCATTa ATTG 154

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1198:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 249 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1198:

AATCCTCACC CGTAATAAAC TCGTTTTGAA TCGTGTGTTc GAACTCACGG TATATTAAAG 60  
 CAATATCCTC TAACTTATTT TTAGTTCGAG TTTGCATATT TTTATCAGCA ATAAAGTGTT 120  
 45 CTAAATGTTC AGGCGTTACT GCATATTTTT TAAAATCTTG AATTGTTCt GTTAATTTTT 180  
 CACTAAACCC ATAATATTTT GCTTGTGATT GATAAAGTTT TAAATACTTT TGTTGTTCnT 240  
 GAACAATGn 249

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1199:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 165 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1199:

TTGGTAAAAA TCGACATCAA ATACTAAATC TGATCCATCT GAATCCCATG TTTAAAACCG 60  
AACTTGTGCA TTAATTGTAA AGTTCAAACCT CTCATCTTC ATAGATCGCG ATGCGTCTTT 120  
TAATTCTTTA GGTGATACTT TGTAGATCTA TAACAAAATT AnCTA 165

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1200:

15

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 236 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1200:

TTATTAGCGA TTA AAAAATAT GTCCTTTTTT AATAAAGGAG ATATATGTTT AATTGGATGT 60  
CAACATCGGA GTCATTGGCG AAAAATAGGG CTGCGGTCGA TGGAGTTCAA AACTATTTTA 120  
ATGCATTACA TGTGTGAGT NAAGAGCAGG CGTACTTTTC TTTCAAGGA TGTGACATAT 180  
CACAGAGCGT ACAATAGAAA CTCAGATACC ATTACATGGA nAGTCCGCGT CCAATG 236

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1201:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 146 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

35

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1201:

TAATGCTAAA CAGTATTATG GAGATAATGG CTTAGTTCAA ATTTCTGATG nAAGTCAACA 60  
CTTCTAAAAT TTGTAAATGA AGCATTAGAC AATAACGAAC AATCAGTTGA AGATTACAAA 120  
AATGGTAAAG GCAAAGCTAT GGGCTT 146

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1202:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 385 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1202:

ATTGATGATA GTATTGATGG TAATACCATA AACATACAGC ATTATCACAA GTAAAAGTAA 60  
 5 GCCTAAATGT CCATAAAATC TACTTGTCCAC AATATATGTC GGTATTATCG TAACGGGAAG 120  
 TCATTTTCGTA CTTGATTAAA CTTTTGTGTA ATTGCTTTAG TACCTTCTAA ATACCTGGTT 180  
 GATGAGACCA CATACTGATA CCACCATAAC CATAAACAAA AGGTACACCA GAATTGGGCA 240  
 10 TACTTCTTAT TCCATCCAAA CCTCCGTAAC CTAATTGCTA CGGGTAATAT TCCAGCACAC 300  
 TAATAGTATT GATGTAATTA ACTGAACGGC CGCTnGATAA TAAGTCTTAC AGTCTTAAAC 360  
 15 GTCCATGCGC ATCnTnACCC ATTCA 385

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1203:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 20 (A) LENGTH: 580 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## 25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1203:

ACATTGAACG AGTACAGAAA ACTTATTGnA AATAAAGGCT GTTAAAGATA AAGAAGAAGA 60  
 TACTTACAGA GGTAAGTATT TTGCGGAAGA AAGAAAAAAC GAAAAATTGG AAAAAGAAAA 120  
 30 TATAAACTA AAAAACAAAA TTTATGAATT ACAAACGAA GAAGATAACG AGGAGGACGA 180  
 AGAAGACAAG GAGGACGAGA ACGATGTATT ACAAATTGG TGAGATAAAA AACAAAATTA 240  
 35 TAAGCTTTAA CGGGTTTGAA TTTAAAGTGT CTGTGATGAA GAGACATGAC GGTATCAGTA 300  
 TACAAATCAA GGATATGAAT AATGTTCCAC TTAAATCGTT TCATGTCATA GATTTAAGCG 360  
 AACTATATAT TGCGACGGAT GCAATGCGTG AyGTTATAAA CGAATGGATT GAAAATAACA 420  
 40 CAGATGAACA GGACAACTA ATTAACCTAG TCATGAAATG GTAGGAGGTA TGAnAAGTGA 480  
 ATGATTTACA AGAGAGAGAA TTAGAAACAT TCGAACAAGA CGACCGATTC AAAGTAACTG 540  
 45 ATCTAGACAG TGCTAACTGG GTTTTTTnAG AAACnGGAT 580

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1204:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 139 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

ATCGTATGGT TGAGGCGAAT TTAAGTAAA AATTAGACAA CGAATCTTGA TGAAAAGAnA 60  
 ATGATTGGCT AAAATAGCAG CTAATCAAAT CAACGATAAT GAATGCTTAT TTATCGTGCT 120  
 5 GGTTCATCTA CATTGGAGC 139

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1205:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 229 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1205:

AGGAGGATAT CAGaCTTACA rACTATTCTT TATCATACTG rAATTCAAAT AGACACCTTA 60  
 20 ATTGaAGaAG GCGTTGACGC GCTACTTTTC rAAACGTATT ACGACCTnGG AAGnGTTAAC 120  
 AAATGTCATT TCCACGGAAC GGGGAAAGGA AATACGGCGT TGCCAATCCA TTGCTCCAAT 180  
 TGAACCGGTT GCAAACACAA ATTGACTTGG TTGAAGGGGC AGGCATGCA 229

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1206:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1206:

TCGACAAGTT TTTAACAGTT CGTTATTATA TGAATGTAAG TAAAAATTTT TTAGCTACAA 60  
 CTTACATATT ATAAATGCAT AAATTAAACA AAAAGGGGCG AAAAAAGTTG ACTCATTAT 120  
 40 CAGATTTAGA TATTGCGAAT CAATCAACAC TACAACCAAT TAAGGATATT GCTGCATCAG 180  
 TAGGTATTTT AGAGGATGCA TTAGAACCTT ATGGTCATTA CAAAGCTAAA ATCGACATTA 240  
 ATTAAAATTa CGCCAAGAGa AAACAAAGGG AAgTTGTTTT aGTAACTGc GATGaGCCCCA 300  
 45 ACACCAGCTG GTGaAGGtAA tCmACGGTTA CAGTTGGtTT AGCTGaTGcA TTCCmTGaGT 360  
 TaATgAAAAC GTTATGGTTG ccTTaGGGGG CCTGCCTTT 399

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1207:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 138 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1207:

ATAAACAATA CGATTGTAT GCTACTTGTC TGAAGACAAC ATAAACAAT ATGTAACTG 60  
 5 ATATTGAGGA TATGGGCTTT CAAAATCCAn TTCAAAAAG GTTATGTTGA AATATGACGC 120  
 GGTGTTGAA AGAGACCC 138

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1208:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 655 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1208:

20 AGTCGCCTAA CTTTTATTAT CAGTCCAATC AGTTTCATCA AGTATAAATG TTATTGCTTA 60  
 TTTTGTATT CTTGGCGTAT TTTTGTTCCT TCTGCATAGC GCTCTGGATT TTTCTTATAA 120  
 AAATCTTGGT GATAGTCTTC GGCTTTGTAA AATTGTGACG CTGGTA-TAT TTTTGTGCA 180  
 25 ATTGCCTTAT CAGCATTAAAT CGTATTTTTTA AGCTGCTCGA TATAAGTCTC AGCGAGTTCT 240  
 TTTTGATGAT CATTAGTGTA GAAAATAGCT GTTTnATATT GAGGACCACG GTCTTGATAT 300  
 TGACCACCTG TATCTAATGG GTCAATGACT GAGAAAAATA TTTCTAATAA CTTATTGTAT 360  
 30 GAGAATAATG CAACATCATA TTGAATTTCA ACAGTTTCTA AATGACCACT CGTACCTGAT 420  
 TTTACTTGTT CGTAAGTAGG ATTTTCAATA TGTCCGCCCA TATATCCAGA AGTTACTTTT 480  
 35 TCTATGCCGT CAAAGGTGTC AAATGGTTTC GTCATACACC AAAAGCAACC TCCGGCAAAA 540  
 TAAGCTGTAT TAATATTCAT TTTTGACATC CTTTCATTA GACCTTAGTA CGATTTATTA 600  
 AGAAATCACT TGCTTTTTGA ATTGTTTTTA TATAACGTTA ATAnGnGATT ATnAT 655

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1209:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 213 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1209:

50 CCGnCCCCAA TGGAAATTAC CTTTGGTnCC CCATTTTAAT TGTAAATTA TTGGAGTGTT 60

AATCTCACTA TCTTCAAATA AGCTTGTGTA TAGTTTAACA GCTTCTTCAG CTTGGTTATT 180  
 AAACATTAAA AATGTCGTGA TTTTGGGAAT ATC 213

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1210:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 149 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1210:

TTGATTGCAA CTTTGATAGT GAAAACATTT ACATGATGTT GTCACTGGTG CACGGGCGTC 60  
 GAGAACAAATC ATTGCGTTAT TGACGGTGCT GCCCTGCTGT CTCAGTTTGT TGATGCAAGC 120  
 ACTACACGAA ACCCAATAGC nTCACCAGG 149

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1211:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 142 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1211:

AATGTTTCTC CTAATTTTAA ATGTTTAGGA ATATTAACTA GGATAATAAA TCCAGCGACA 60  
 TCCCAAATGG GATTCAATATA AGAATGTTGG ATGATAATnT TGGCCGTTAA TATACATATT 120  
 TTCTATTATA AAATTGGGCA AA 142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1212:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 163 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1212:

TTTAAATTTA GTCAC TTCAC CTTTAAAGC ATGTTTCATAA AATGTTTGCA TCATCAATGC 60  
 ACGTTCTGAA CCAGAGCCTT CAACACAAAG ATAAATTTGT ACAGCAATAC CGCCTCTAAC 120  
 TCTTCGTTGC GATGATGGCA ATACCACTCA ATCCAACGCT CnG 163

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 765 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1213:

GTCACCTTTC	ACGTCTTGAA	GAAAAAGGCT	ATATAAGAAG	AGATCCAACG	AAACCACGTG	60
CTATAGAAAT	TGTAAGTGAT	CAAACAAATG	ATAATATTAA	TATGGAAGAA	ACGATTCATG	120
TGCCAGTTAT	TGGTAAAGTC	ACAGCAGGTG	TTCCTATTAC	CGCAGTAGAA	AATATTGAAG	180
AATATTTTCC	ATTACCTGAA	CACCTAACAT	CGACACACAA	TAGCGACATA	TTCATATTAA	240
ACGTCGTAGG	CGACAGTATG	ATTGAGGCTG	GTATATTAGA	CGGAGACAAA	GTAATTGTnC	300
GCAGTCAAAC	CATAGCAGAA	AATGGAGACA	TTATTGTTGC	TATGACTGAG	GAAGATGAAG	360
CAACTGTCAA	ACGCTTCTAT	AAAGAAAAAA	ATCGTTATCG	ATTACAACCT	GAAAATAGTA	420
CAATGGAGCC	AATTTACCTA	GACAAATGTTG	CTGTAATTGG	GaaAGTAATT	GGTTTGTACC	480
GCGAAATGTA	ATATTTTAAA	CCGTTATATA	TTATCGTAAT	TGTTAAGCCC	TCATTTTTAT	540
AAATTTTGGG	nCTCTTGAAA	AAGTTACGTT	TTCAAGAGGT	TTTATTTATT	CTAATCTAAA	600
TTCAGTTCAA	ACAGAAATTG	CGAATTGTTA	GATAATCTCA	TTCTTTArTA	TAAATnTTGA	660
ATTACAGATT	TCTGCAAAAT	GTTACACAAA	TTAAAACCTG	CCCCCGTAAT	AATTTACAGG	720
AGCGAGCCAT	TATTATTTTT	TTCnTTCTTT	TTTATTAAGT	ATATC		765

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1214:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 495 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1214:

AGTTGCCATC	AAAAATACAG	AACCTAATnA	TnACCTTTTA	TGATTTTTTG	TGAATTCAAA	60
GTCACCTTCT	TTTTnAAGCT	TTAAATTTCT	CCCCATTTTT	TTAGCCCCCT	ATAAGGATTG	120
AATATCAATG	CCTTCTTTCA	TTAAAATTTT	TCTAATTTTC	GAAACAAATA	ATAATGCATG	180
TTCTCCATCA	CCATGCACAC	AAATTGTATC	TGCTTGTAAC	GTTACTTCCT	TATTGTTTTT	240
TGAAATAACT	TTATyyyCct	TCACCATCTT	TAAAACCTGC	TTAAGTGCTT	CGTCAGTATC	300

ATCAGCAAAC ACTTCAGAAG CTGTAATTAA TCCGACATTC TTTGCTTCTG AAATTAGATA 420  
 TGAATTTGCT AATCCTACTA ACACTAGTGA TGGATCAAAG TCATAAACAG CTTGTGCTAT 480  
 5 AACGTTTGCh ATTnC 495

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1215:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 243 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1215:

AnTGTCcAGG TACCCGTGGT CCAAAATTCG ATGTACGTAG ACCATTGnCT CGTATTTGTC 60  
 20 AGATTGTGTT AATGATTGTC TCTGTATTAG GAAGTTTATT CTCCATTTTA ACAATTAGAA 120  
 AAATAGATCC GTTAAAGGCG ATTGGGTAGG AGGTGTGCAA ATGTTGAAAT TGAAATGTAC 180  
 AAGTCATTAA GTGGATCTAC ATGAGCGTAA GGTcATTGGA ATAGGTTTGC TGTGACTCGC 240  
 25 CGA 243

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1216:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 256 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1216:

GGGCTTCTTT CTAAATAAC TAAGTGAATT ATCTATATAT GAAGAGGTCT CCAATACTTT 60  
 40 TTATATAATT CGTGATTACA TTCTATACTT TTAATTGTAT TTTCTGCGTA GGAAAGTGGT 120  
 TTTATTAATT CGATTAGTTC GAACTACAnT CAAGAAAAGG TAAAATTTGT GCATGAGCAA 180  
 GAGAAACATA CCTGAACCAA AGGCACCCGA ACAGTACCTA GGCCTAAGCG GCTAATTATA 240  
 45 AATGCTCAAG CGCAnG 256

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1217:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1217:

5	TTTATTTTTT	CTTCTAAACG	AAACATTGCT	TCTTTTTGTG	ATTGTTTTGT	ATTCTTG TTC	60
	AACACAACAC	TTACGCGCTT	CCATTTATCT	GTGTATGGAT	CTTTATACTT	CTCGTAGTAT	120
	CTGTATTTAG	TTTCGTTATT	TTTGTTTTTA	AATTTTTCAA	TCCACATGTT	TATACCTCCT	180
10	GAGAGAACGT	ACGTTCTGTA	AATTTGTAAA	AAATAATAAG	GGTAGGTGGG	CTACCCAAAA	240
	TTTAGTACTA	GGTACTAAAT	ATGTTATAAT	AAAATAAAAA	G TAGGTGATA	AGATGACTCA	300
	ATTTCTAGGG	GCGCTTCTTC	TTACAGGAGT	TTTAGGTTAC	ATACCATATA	AATATCTAAC	360
15	AATGATAGGT	TTAGTTAGTG	AAAAAAACAA	GATTATCAAT			400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1218:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20	(A) LENGTH: 400 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1218:

	CCAAGTGTC A	ATTTTAGATG	ATTTTTTTGT	TGACCTATCG	CCTTAACTGA	AGAACTGAT	60
30	AAATCATCCA	TTTCAAAAAT	AGGTCTAGAA	AAATCTGTTC	CGAAGGtCTT	AAACGATTCA	120
	TATCACGAAT	ATTTTAAATC	GTTATATCAT	TTTCTGTTAA	TAATACATCT	ACTTGCTTTA	180
	CGGGATCTAA	CGAAGTTGTT	TTAGATAATT	CTTTCATCCA	TTTATTTAAA	CCTTCAGCTA	240
35	ACGATTCTAT	ATTTTCAATA	TCCATCGTCA	TACCTGCAGC	CATATGATGG	CCGCCAAATT	300
	TAGCGATTAA	CTCTTGATGT	GCTGATAGTA	TTTCAAACAT	CGACACTTGA	TCAATTGATC	360
40	TGGCGGAGCT	TTTGCATGAT	TTTGCTCCCT	ATCAATATTT			400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1219:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45	(A) LENGTH: 458 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1219:

	AAGATATTAG	ACATAAAATC	TAAAnACAGC	AGTAAGATGA	TTTATGATTA	GAAACTATCT	60
55	TACTGCTGTT	CACTTTTTAT	AATACTTCTG	AATGTCTTCA	CTTATACTTC	TAGTCACAGA	120

GCATTCATTT CTTGTcTAGC AACGTTCTAC TCTAGCGGAA nTAAtTAGCT ACCATCCTCG 240  
 CTAAGAACCT TTCTTGACTT GTGACAATCG CTTGCTTCTT TCCTCTCCTT CGGcTCTCGC 300  
 5 TTAATCATTT AGCTCTACTA AACTCGTTGC GCTCTTTTCT CGTTTCGTCA GATTCAAACG 360  
 TTTTCACTTC GCCAAGCCAT TTTTCTTTGT GTTTACTTTT TATTTTGACG TTTTAGACAT 420  
 10 AAAAAAAGAG ACCTCACGGT CTCAACTTGG CCTGGGCA 458

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1220:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 494 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1220:

CAAAATTTAT TTCTTGTAAG GTACAATATA AGTTAAATGT TGTTGTTAGG ATTGATTCTT 60  
 25 TCATCTGAGC ATTTAATTGT AAGTCGCTAT ATTTAATTTG TTCAGTATTT AmAAATAAAT 120  
 TGAAAAATTC AACTGATAAT AAAGGTGTTT TAATCATACA AATACTTGAC GGTTTCGTAAA 180  
 TAGTGTTTAT TTGTAAGCAC CTCACATATT TGAATAGACA AATAGAGCCC TTTCAGGCTC 240  
 30 TATTTGCTGT AATCTTAACA GCAGAAGCTA TTAAACTAC CAGTCTTAGC ACAACCAGGA 300  
 GTACATAAAC TATGACTTGT AATACGTTTC TCACCTGCTG AATCATTTGA GTnATTGTTT 360  
 GCTTTAACTT GCACGTCTAA ATCAAGAACT TTTCCATAG ATAAACCTC CTATTATTAG 420  
 35 TTGAAGTTAA GGCCTACTTC AATTGTCATA TTATCCCTTT TCACACAACA AATCAATAAA 480  
 TTATATAATT ATAT 494

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1221:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 148 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1221:

ACTATTATTT TAATAGTGAC GACAGTTTTA ATTTTATTAA GTATTGCTTT AATTACCTTT 60  
 ATGCAATACT ATTTACACA AGAnACCGAA AATGCCATAA GAGAAGATGC TAGACGTATA 120  
 55 AGTTCACTGG TCGAACAATC ACATAATA 148

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 401 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1222:

TCGCTTTTAC ATCAAATAAA TTATCTTTAT ACAATTCGT ATGAATTACT TCTTTATAAT 60  
 TATAAAAATG AGGAATTTTT TGATTGTTTA ATCACTTGC TAATTGATTA GCTTTTTGTT 120  
 GGTCTTTAAT TGTAACGTCG TGTGGTGCAG TATATTTTAT TTCACTTGAT AAGGACGCTC 180  
 TACTTATAGC AGCAAAGCAA AGAACTGAAA CAGTAATCGC TGAAATGATT GCCATGACCG 240  
 TAAGTGAAAA AGCATTTTTC TTAATACGAT ACATAATAGA TGATGAGAAC ATGACATCAT 300  
 TLACACTTAT AACACCTTtT CTAAACTtCT TCACCATTTT AAAAAGTAGA GARACAGAGC 360  
 TTTTAAAAAA TAAGnGTGCC CCAATCACAG TTGACAAnAA A 401

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1223:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1223:

CTTGACCAAA TCCATTTTTT AACAAAAGTG GTCAAGTGAA ATCCCATCTT TCCAAATCAA 60  
 AAAAGAGCTA AAGCAAAATG CTCTAGCCCT TGaTATTACT GATTTCCTAT CATTGTnTAG 120  
 CGTATTAATA TTGCTTCATG TACTGATCTC TTTCCCATTC AGAGACTTGA GTTCTG 176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1224:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 283 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1224:

AATACTTTTA CGATAATTAT AAAGGTTTAT TCAAATCTTA GGGCAAAATG TATAATATTT 60  
 TTATGCAAAT TTAAACAnT AACACTTATT TCAAGTTTCA ATATTTTGAG AATAAGGAGT 120

AATGCCAATC AAACGCTC GAAATAGGGG GAAACGAGGC nATCATTTTT GACAATGAGT 240

GTCAATAGGG AAGAATAACA ATTAGGAATG ACTCATAGGA GGA 283

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1225:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 217 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1225:

AAAAGAAGAG AAGAAAGTTG AAGAACCTCA AGCACCTAAA GTTGATAACC AACAAAGAGGT 60

TAAAACTACG GCTGGTAAAG CTGAAGAAAC AACACAACCA GTTGACACAAC CATTAGTAAA 120

ATTCCACAGG CCATTACAGG AATTTAAGTC GGATACCAGG TGAATnACGT CAGGATGTCh 180

GCCGTTTACA TGACACGCTC TACATATTCA CCACTCG 217

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1226:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 176 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1226:

TGGGTACTAT TTATTACGTA AAACTTTTCG TTAGCGATGC CGGCATTGCA AGAGCAAGGT 60

TTACAAAAGC GGAAGAGTT TGCACTTTCT GCTGTTCCAT CGCATATGGA TTAGTAAGGT 120

CTTTATGGGn ACTGTAAGTG ATCCGAGCAA TGTCGGATAA TCTAGGTCTT GGATAG 176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1227:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 400 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1227:

AATGAAATA AAGAAGATGA TTTTGTGCA TATGGGTCTC CAGAACATAA TTATCAATTT 60

GGTGGAAGTT TAATCAAAAG TAAAAATTTA AGCACGTTAT TAAACCAGT ACATCAAACC 120

GCGGCCGTTT TAATTTTGTT TTCAAGTTAA TCATACTTAC ATATAAAAAT GAAAAGTTGA 240  
 ATTTTtagTA CAATTTCCAC TGTATTTATC TGTTAACCAC TTTATACCCG CAATATTTTCG 300  
 TTGATCTTAT ATAAACACTT TTGGCTGCTT TTCCTTGACC TAGATTAAAA TTATAGATTT 360  
 TCCTTGTAAG AGTGTGTTTG TAGTATCATA AATATGTAAA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1228:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 150 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1228:

ATCTAGCATG CTTTGGAAA ACGATAAGAA TTGGTGTTT GAATTTcATA ACCAACACCA 60  
 GCAGTTTCAA CAACTACGTG TGTAGGATAT AAATGTGTTA CTTGACCTTT GACATACGCG 120  
 TACATTATAG GCACATCCTT ACATACTCAn 150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1229:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 138 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1229:

TCGGTACAGT GCATTTGGTG CGTCATGGTT TACAAGGnAA AAATAAGTGA TCACTATTTA 60  
 TCAGTATGGG AAAAAGCAAC GACGTATCAA ATGTACCATG GCTTAGCATT ATTAATTATA 120  
 GGTGTAATTA GTGGTACA 138

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1230:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 182 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1230:

TTGGTATGTA CCTCCAATAG TAATTTCAAT AACTTTGTCT GTTGAACACT AAGAGCAATT 60

CCTTGATTAT nCTAAGAAAA GTAAAAGCAC ACGGAGTATC CTATCAGAAA ACCAGTATAC 180

CA 182

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1231:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 233 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1231:

TCTCTTTAAA TTGTACACAA TTCTGGATAA CTATCCCAT TTCTGTGGAT AAACACCTTG 60

ATGTCTTATT ACTTATCCTC GTTTTATAT CCCATATTTA TCAACGGkTA TCGCTTTTTT 120

TCATAAAAAA aCACTACCGT ACCyCTTATT TAAGAAATAC AGTAGTATTA TTTTCAATAT 180

ATTTTAGCTA GChTTTCTAC GTCGTACAGT CGCGATTAAA CCTATACCTG CTA 233

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1232:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 385 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1232:

GTTTTTGGTA AAAGTACTAA TATTAaCCAA GTATTGAGTC ATATGTTAAA ACAAGATGCG 60

AATGATATTG GCTTTGCTAA ATTACTACAA AATGAGAATA ATCGTATGAG TTATAACGAG 120

TTAATGAGTG AATGGCAATC ACATCAACGT GCATTTTATAG AAGAGTTGAG GCATGTTGAA 180

ATGTTAAAAG AAGAATCTAT TAGAGCATAT GATGTTTATA AAAATTGTGA GTCTTTCTCT 240

AAGATTGAAC AGGTTATTAA TAGTGAAAA ACAAGTATTG AAGAACAGGT ATATCATTTA 300

GATAATGAAA CGTTACGAGA CAATAAGAA ATAGAAGTTT GGGATAATCG ATTTAATTAn 360

ATTGnTAGCC CAATGGnCCC TTAA 385

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1233:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 180 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1233:

CTGAAAAGAT TCAACTAATC TGAGTCAGGT TACAATCTCA TGATAACCGC TCGCACCTCG 60  
 5 GAGAAAGACG CTCAAACAGT ACAGAGCTCG ACCGCAGGAT ATTTTTTG TG AAAATGAACG 120  
 TATGAGCTGT TCAGAnGGCA CTTTATTGCG CAATAAAACG GTAAAAATCC TGAAGTGAAG 180

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1234:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 453 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1234:

ACCATTTTAA TTTnChTTAT GACCTTGTAT GCCATTATCA aCAGTTATGA TTAATGTTAT 60  
 GCyTTCATCA TGAGCATTTC TAAATGCTAG TTCGTTTGGT CCATATCTTC GGTAAAGCGG 120  
 TTAGGAATAT GCCATCCTAC TTGTGCACCT AAAAGTTGTA ATGTTATCAC TAAAATTGTA 180  
 25 GTTGCGGTAA CACCGTCGGC ATCGTAATCA CCATAAACTA GGATTTTCTC ATCATTGCT 240  
 ATCGCTCTTT TAATTCTTTC AATAGTCTTA GTCATATCGC TCAATTGnAG TGCATCATGA 300  
 TTGATATCTG TATCTGAAAT GATGGATTCT ATTGCTTGn CATCAATAAT CGATTTACTT 360  
 nCTAATATTT TTTTACGAT TGGCGTTAAC TTTAATTTTG ATGTTAATTC ATCACTTATG 420  
 TATTCAGCTG GTTTAGTTAA TTTCCACTTA TAC 453

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1235:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 163 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1235:

CGTGATTAAG TTGGATACTA AAATTTGGGA TGTTAGAGAA TGTGATGAAG ATTTnCAGCA 60  
 ATGTCCTGAA ATTAATGAAA TAAGAGACAT TGTTTTAAAG CCGTGTTTG ATAGGTTTAC 120  
 50 CAACTGAAGC AGTTTATGGA CTTGCAGCGA ATGCGGCAGA TGA 163

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1236:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 144 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1236:

GTTAACACAT CGCTTATAAC GTGTAAATAT AAACACTGTT TTATAAAAAC TTTTATACC 60  
ATTACCGGCA CCGATAAATG TGTACTATGG AGCACAACAA TAACTGGAAT ACTTnGATTT 120  
AATCCCGCTA TAACATTTCC TAAT 144

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1237:

15

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 204 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1237:

ATAGTTTAAG GTGATATTCA AACAATATTA GGTtTGATTT AACTATCAAG CATCTACTTT 60  
GTCATGTTTA ATACCAGCAA ATAATAAAAT CCATGTCACG ATAATAAATG GCATGTTAAT 120  
GCAGGGTAAG CCCAACCGGT CCAGCCATGG TGGTGGTACC CTAnTTGGCC nCCACCTACC 180  
GGTTAATTAA CCACCCCCAA AAAA 204

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1238:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 157 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1238:

CGGTCATTTT GGTTATTnAA CAACTATACC TGAGGGGTGG TGGGTAATTC GTATTGCCGA 60  
TTCAGTTTTG TTAATATGCT GACCACCTGC ACCAGAAGCT CTGAATGTAT CAACTGTGAA 120  
TAGCATCCGG ATTGGTTTCA ATCTGCTATG GCATCAT 157

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1239:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 164 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1239:

TTAAAGCATG TTCATAAATG TTTGCATCAT CATGCACGTT CTGGACCGAG CCTTCAnCAC 60  
 AAGGTAATTT GTACAGCATA CCGGCTCTAA CTCTTCGTTG CGTATGCCTG CAATTTCTTA 120  
 CCTCGATACT TAAGTCAATT TTCCGGGCAT AAGGGTGTTT ATTT 164

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1240:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 239 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1240:

TTGAAAAACT GAAAACGGTG AAGTTTTACA AACAACTAAA ACAGATAAAG ATGGTAAATA 60  
 TCAATTTACT GGATTAGAAA ATGGAACCTTA TAAAGTTGAA TTGAAACACC ATCAGTTACA 120  
 CACCACACAA GTAGTTCAGA ACTATAAGTT GATCAATGTC TCACACAGTG CATAATnGAA 180  
 CAACATGCCG GTCTCAACAC TCACTAGGCA GAGGATCATA ACGGTCGTnG TAAGCTCGG 239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1241:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 152 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1241:

TGATAAATAA TAGCGCCATC ATAAGTTGCA GGGTGGTAAT CATAATTTCT ACCATGAGTC 60  
 TTTGCCTTGA AAGACCGTGC ACCACTTTCT TTTAAATCGG TAAACGATAA TGnCAAGTTT 120  
 AAAATAATTT GCGGTGTTGG CATTTGAGTA TC 152

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1242:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 148 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1242:

ATCTTTACCT TTCACTGTC ACTTATGTAC CATAATACTT CTGACAGTTA CTAATTAACA 120  
GCAACTCTAA CTCATTTATA TTAACTA 148

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1243:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 588 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1243:

GGTACCAATC GATCGTTACA AACGTTTCGT TAAAGACGAT AAAAAAGTAC CAACAGGCAA 60  
TGAATATCGT GAATTAGTAT TAAAGCAAT TCACATGATT ATGCTTGGTT TCTTGATAA 120  
ATATATTGTT GCTTACTTTA TTAACACATA TGCAATCATG CCGTTACAAT TAGACTTACA 180  
TGGCTTTGTC AATTGTGGT TATATATGTA CGCATACAGC TTATATTTAT TCTTTGACTT 240  
TGCAGGTTAT AGTTTATTTG CGATAGCATT TAGTTATTTA TTCGGTATTA AACACCACC 300  
AAACTTCGAT AAACCTTTCA AAGCGAAAAA TATTAAAGAT TTCTGGAATA GATGGCATAT 360  
GACATTATCA TTCTGGTTCA GAGATTGTAT TTACATGAGA TCTTTATTCT ACATGTCTCG 420  
TAAAAAATTA TTGAAGAGTC AATTGCAAT GTCCAACGTG GCATTCTTAA TCAACTTCTT 480  
CATAATGGGG ATTTGGGCAT GGAACGAAG TGTAATACCA TTGGTTTAAAG GGGTTAAACC 540  
ATGGCCAGCC TTGGTTAAAG GGTAnGGnCC AATAAGGACG GTGGGCGG 588

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1244:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 376 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1244:

ATTGCTGGAG AAAGGCAAGG CTTTGCAGGC GGATTGAACT CGACATTCAC TAGTATGGGT 60  
AATTTCATAG GTCCTTTAAT CGCAGGTGCG TTATTTGATG TACACATTGA AGCACCATT 120  
TATATGGCTA TAGGTGTTTC ATTAGCAGGT GTTGTTATTG TTTTAATTGA AAAGCAACAT 180  
AGAGCAAAAT TGAAAGAACA AAATATGTAG CATAAGTATT TTGGTGTATA TTGATATAAA 240  
GTAAAGCGTA ATATTATGAA TGATTAGCAT CGTTTTTCTT ATGAATTTTA TTAAGAAAAT 300

GTTATATGtn ACAAAA

376

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1245:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 288 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1245:

CAATTTGTTC TAAAGCAAAT TCITTACATT TCTCACGGAA TTCAGCTGTT GACATTTTCT 60  
 TTCGGTCAAC ACCTTTTTTC GTTAATGGCT TGTTCAATTG GGTAAACCAT GTGGTTATCC 120  
 CCCAACCTGG GTACCGTATG GGTGGCCAT TAGGAAACCC CTTGGCAATA GGTTTTTTAA 180  
 TAAACCGGTA nCAAATTAAA AGGTCCTTTT TTAAAAAATT TTTGGTTTCC AAAGGGGCCA 240  
 ATGgnTCCCC CAATTAATGG TTAAAGGTTT TAACCCCAAT TTTCCGGC 288

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1246:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 161 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1246:

CATCATCAAT AGAACGGTAT TCGCAACGTC GTAGAAATCC CTTAAACGAC GAGAACAAAG 60  
 CAAGTCGACA TCAGTAAAC ATTAAAGATA TTATGGCTGA AGCAGAGAAC TTAATAACTT 120  
 TTTATAAATC TATACnTCC AAAATGTAAA ACTACCAAAA T 161

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1247:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 421 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1247:

TCACTACGTT GTTTAATTGT GGTAATTGCA GTTTTACAGG CTTGTCTAGT GAAGATTTAA 60  
 AACTTAATTC AAGTGTTTTA GTCATGAATA TGTCCTCCTG ATTAAATTGA TAAAGATTTG 120

TTAATTTGGT CGTTTGATGC ATCAGGGTTA ATGTTAGCGA ATCGACGCTT AAATTCTGTT 240  
 TGTTCGCCGT TAGCGTcAC TTTAGTAAAT GaTAATACAA TAGTGATGTG GTTTATTTtA 300  
 5 CTCATATTTT AAAACCTCCT TTCACACTAT ATATCGAAAC AAAATAATAA AATGGCTAAT 360  
 TTTATTTTCT ATGTTTAAAA TCTATAAAAn AGGCAATAGA TATGTGTAAC TAAAATATAn 420  
 10 G 421

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1248:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 409 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1248:

ATAAGCTGCT GTTGATAATC CAAGTGCTAA AGTTAAATAT AATATAGTGC CAAAAATTTT 60  
 ATTCTTCTAT AAAACACCT CTCATATTT AATCCATATC TCTTTTTCGT TATTTATACA 120  
 25 GAATTTTCTG AAAATAGTCA AGGTTAATTT ATTTGCTGCA AATTTCAACC ACTTTATGTT 180  
 AAATGGACAT CAAAGTATAA TTGTATTATT ATTAAATTGT GCAGTGTATA AATAGACGAT 240  
 30 ATGCAGGAAC ATGTCGCCTA TTGAGCCCGT TAAAAAGACG GTGACTAAAT GAGATTTTCT 300  
 TTAACCATCA TTCGTTGTCA AAGTTTGGA AAgATGGTTG TTTTTTATTG TTTAAATTAA 360  
 TCATTGCGAC TTCTATATCA ATGAAAGTTA TCTTAATATA TGAAC TTCA 409

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1249:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 217 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1249:

CTTTCAATTA CGAACAAATC ATTACTAGTT TATTTAATGA TAATGACTGn AATTTAGCAA 60  
 AAAACGTAAC ATGATCATTT AGCTTGAATT GGTAAAACTG TTTATCCAAC ATTTCCAGAC 120  
 50 CAAATCACAC CGGTAAACG TCAAAATATA TTGTnTCTAT GCCCGTTTTT ACCAGTTATC 180  
 TCATTGCAGG TATATTGATG AATCACAAG TTGGTAT 217

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1250:

- (A) LENGTH: 176 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1250:

10 CAGAACGTGC GGATCGTTTT TATGCAACCT AAACCAGGTA CGGATTTAGC GTGGTTAAGT 60  
 GGCAGTGCAC TAAGTATATT CATTGATCCT GCATTTACAC GATGAAAGCA TTTATTGCAT 120  
 GAGTGGGTAG ATGCATTTTG CTGGAATGAT TCACAAATGC ATTAGAGnAC ATTTAC 176

15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1251:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
  - (A) LENGTH: 212 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1251:

25

TTTCAACTTT CTAAATTATA ATATATCTTT TTAATAAAG CTAGAATTTT TATATAATAA 60  
 ATGTTAATAA CGAAAAGGGA TGATGCATAG TGATCGCAAG CACGCCAGAG GCCGATTGTA 120  
 30 TATTGCGAGT TAGTTTATAT GGTGGGGAT GATATGGATA GAATTGGTAA ACATCTCCTA 180  
 AAGCATGGTA TAGTGCAATT nAAAACTGT GT 212

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1252:

35

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
  - (A) LENGTH: 131 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1252:

45 CAGTAAGTCA ATTGAAATGG CTAATTTATT AAATCTATAA AAGCATAGAG CACTGTTGTG 60  
 AGTTCATAAT CAAAGATTTA TAAATGTnTC AGACTGCCAA TATAACATTT AGGACCTAGA 120  
 ACATTGATTA T 131

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1253:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
  - (A) LENGTH: 462 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1253:

5 TTAGTAGTCA TCGGTATTGG TGGTTCTTAC TTAGGTGCAC GTGCAGCAAT CGAmATGTTA 60  
 ACGTCATCAT TTAGAAACAG cAATGAATAC CCTGAmATTG TATTTGTTGG TAATCACTTA 120  
 TCATCAACAT ATACGAAAGA GTTAGTTGAT TATTTAGCAG ACAAAGATTT CTCTGTAAAC 180  
 10 GTTATTTCTA AATCTGGTAC AACTACAGAA CCAGCAGTTG CATTAGATT GTTCAAACAA 240  
 TTAGTTGAAG AAAGATACGG TAAAGAAGAA GCACAAAAAC GTATATTTGC AACACGGAT 300  
 AAAGAAAAAG GnGCTTTAAA ACAGTTGGCT ACAAACGAAG GTTATGAAAC GTTTATCGTA 360  
 15 CCTGATGATG TAGGTGGAAG ATATTCTGTT TTAACAGCAG TAGGATTATT ACCAATTGCA 420  
 ACAGCTGGAA TTAACATCGA AGCTATGATG ATTGGTGCTG CA 462

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1254:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1254:

30 ACTCATAAGT GAATGGTTGA TTACCACTAG TTA AACCTTC ATATACTATA GTTCTTTTTT 60  
 TTATTTTGCA ATTAGTTATT TTCATTATAA ACTTCCTTTC AAACACTGCT GAAATAGACG 120  
 TCTTTTTC AA ATAAGCATGA TTAATACTTC AATTCTTTAA TCCACATATA TTTAAAAGTG 180  
 35 AGGTAGTAGG TAATAAATAT AAGACTTAAA GTTAAGATTG CTTTTTTCAT GTTTCATAAT 240  
 TAAAACCTCT GTAAATTTAA GGTTAGTATT ATGAAATAAT GGATTGGTTT ATTCTTTAGT 300  
 ACTAACTTCG TAGTAAATTA TATAGTTCGC TAAATTGTAT TTATCTACTA TATTTTGGGA 360  
 40 ATAAACAATT TCCTTTTCTT TCTTCAGTAA ATTATAAAAA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1255:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 137 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1255:

55

NAATCTATGT ATGGGGGCAT CCAAAGATTT CATAGACTAC TTATTTGTTG ATGAAGCCGG 120  
 ACAAGCAATC CTCAAGC 137

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1256:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 139 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1256:

TGAAATGTAG AAATTGAATT AGAAATGAAG ATTAAAAATC nACACGTATC GTTCAAGTGG 60  
 TGCAGGTGGT CAGCCGTAAA CACAACCTGAC TCTGCGTACG TATTACCATT TCCACTGGTG 120  
 TCATTGCAAC ATCTTCTGA 139

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1257:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 177 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1257:

TTACCAATTA TTTTAACACC ATGTTTAGAC CAATTTGATC TGAATAAATT AATCGCTGTT 60  
 TGTACCTCCA AATTGTTACA ACGTACACCT TTAGTTTTTC TAAATTAATG TATATTCATC 120  
 ACATCTCTTT CAGTTAAGGG TCAAAGTATA ATTTGTGCGAA ATTGTGAAGT CGTTGTA 177

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1258:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 250 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1258:

AAGACCAACC GAAATGAATA TCGACATGGA TTAAGCCTAT ATTCAGATGT AAACGGCGAT 60  
 TATATTAAAA AGCCAATTAC AGAATGTAGT GGTAAATGAA ATATGCCCAA GAATGGGCTG 120  
 TATCACTTAG GTGTATCAAA CTGACCAAAA ATTGGAAGGA CTTTAGGCCA AAAACCATGC 180

TTAATTTTTC

250

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1259:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 170 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1259:

ACATTTCACGG GACATTTTCAT TACATCACCC TGCTTTATTT TGGATTATGG CCTAATTTAT 60  
 ACTGATAAAT CTAGGAGGTG GAAAAAGAA TGCCCTGCAA TTTAATTnCA TTTAACCAAA 120  
 TAATGAAACA ATAAAAACA TTATATCGTT ACTTATTAAG TAATTTGGCA 170

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1260:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 313 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1260:

TTTGTACTCC GATACGTTGT ATTCAGGTTG ATGACACTAG GAATTTGTAA TGATCAATTT 60  
 CTCTAATTCT TTACAATTGA TAGAATTCCT CGATTTGTGG ATAGACATTC ATATCATTGT 120  
 CTAATGATTT TTGGTGATTC ATAAATTGTG ACTAAAGCTT GGATGCTTTA GGATTGTAGC 180  
 TGAGACACAT GTTGCCTGAC TnGGATTTA TCAnATAATC TCAATCACGT GATCCnATCA 240  
 CATTCAATCAG CTCATAAAT CAAGATGATC GTCGTTTATG GGCGATTAAT GGCGTACCGC 300  
 CAGTGTCCGC ACG 313

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1261:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 206 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1261:

TAGCGATCAT TTAATCAAGG TTAGATTATT TAATGTCAGC ATTACGTTTG ACAATGAACT 60

GTTTGAGGTT ATCACAATGC CATTTAACAC TATGCGCACA TGGCTGAACT AATnAGCGAC 180  
 GAGATGACTT CAAACCTTGA TTAGGT 206

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1262:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1262:

AAGTGTGTAC ACGATAGCTA AACTCAAATA TCACAGAACA ACAAATGTCT TAGTACTTTG 60  
 TGCCGGTGGT GGTACAAGTG GATTATTAGC CAATGCACTA ATAAAGCAGC TGAAGAATAT 120  
 CATnTGCCAG TGAAAGCGGC ACTG 144

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1263:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 132 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1263:

ATAACGACAC CTAATGCAAT TTGAATAAAG CAGTAGAATT TGTGGAATC GATTATTGAT 60  
 AACCGAACTA ATAATCACAG CAAAATAAA ATTAAAAATG CTCTAATAGT GCCTACATnC 120  
 TCCTCAAATT TT 132

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1264:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1264:

TATGTCAATT TCGTAGAATT GGTTTTAnGC GCTATTTAGA ATAGCCATCA GATAAAATCA 60  
 TTATTTAAAC GTATAATAGG TCAAAATATA GAGAGTTACT ATACAAATTT CTAACTTTCA 120  
 CTTAAAATAA AATATATATA ATTAAAGTGG AGGAGAAGG 159

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 132 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1265:

ATAGCTCAAG CAATCATTAT GTTTATAATG ATTGTATGGT TCTTTATAGA TGCTTTATTG 60  
 ATTAATTAAT AAAAAGCTTA TTGCAAAATA TGTTTTTCGG TAACTGTAAT TTAGTGATTT 120  
 TATCATTAAC AG 132

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1266:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 405 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1266:

CATGGATTTA TCTTAGCGAT TGGTCTAATT TTACCTTTAG GTGCACAAAA TGTATTTATT 60  
 TTTAACCAAG GAGCTAATCA ACCAAAATAT AGATATGTAT TGCCTGCAAT AATTACAGCC 120  
 GGGTTGTCAG ACAGCTTACT TATTATTATT GCAGTGGTAG GAGTWTCTAT CATTATTATG 180  
 TCTTTACCTG TACTTCAwGC AwTTATTTAT ATAGTTGGTT TAATTTTCTT GATGTATATG 240  
 GCTTGGACCA TTTGGCATGA TAAACCCTCA ACAGATGGAG AAACTCAAAT TATGTCTCCA 300  
 ATGAAACAAG TAAGTTTTGC TTTATCAGTT tCATTACTCA ATCCACATGC TATTTtAGAT 360  
 ACAATTGGAr TAATTGGtAG TAGTGCTGCA TTATATAGTG GChGC 405

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1267:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 125 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1267:

TCTTTATATT GCAGTACAAA ATTCGCGTGG AGGTTTAACA CAAGTAGACC GCACAAGATT 60  
 TAGCGTCTGA AGGTATTACT GTGTAATGCA TTCGCACCTG GhTATCGTTC AAACACCAAT 120

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1268:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 247 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1268:

TTTGCCCAAG TGACGTAAAG TACCCAATGT CCATTTGTAC TTGTATCGCC ATCAACAGTA 60  
 ATCATATTAA ATGTATGGTC AGTCGAAGAT TTTAATAATT GATGAAGTGT ATTCGATTCA 120  
 ATCGATGCAT CGTGTTATAA AAGCAAGCAT GTAGCCAATT GGAATCAAC CCGAnCTTGG 180  
 CACACATGTA CGTTACACAT TAGAACnCAA GTGACCGACG GTAATCCTAC CCGCTCAACA 240  
 CAAGCGC 247

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1269:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 215 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1269:

TCATTGTATA TGAGCAGATT GGCTAGGCGG TGGCTGGACT GACGGAATCG ACACCCGGCT 60  
 GGGGTTGGGA AAAGTACAAG ACGCAACATG CTATGATTTT CCTATGTGGT TATCGTCCGA 120  
 TTTAAAGTGA GCAGCGCACG GTCAGTCATC TCTCACAGnA CCTAAAAAGA ACAGTAAGCn 180  
 CAACCTAAAG CAGTGGAACT TAAATCATC AAGGT 215

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1270:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 119 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1270:

ACAATAAAGA CTATTAAAAG AGATATAGGT TAGATATTAC ACTTTTAGAG CAAGACGGTA 60  
 TAAATGCAAG TAAATTCGTG TATTTATCAA TACAGCAGGT nGAGTGAAAG GCCCAGCAG 119

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 223 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1271:

CGTGGCACGT TAAGCGTTTA ACCATAGCAT TAAGATGATT GTCTAGCAGA GGCGATTTC 60  
 GGGCTCACTA CAGTGCATGA TGAAGTTAAT GCTTCAAATG TAACATTAAA AATAAAAGCA 120  
 ACGATGTCAC TTCTTACTTC TACATCTGCC ATnTTCGTGA TTTCGTATCT ATCCCGCATC 180  
 TCATCTTGAA CGTACGAGCC TAATCGCCCh GCGCGATCCT GCC 223

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1272:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 120 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1272:

TAGTTACAAT ATCTGTCAAT TTCTGGAGAA CCACTAAAGC TATGCATAAT CCCGCCTACC 60  
 TCTTCAGCAT GCTCCTCCAA TAAGATATCG GTACAGTCTT GAGnTGCTTC ACGGTTATGA 120

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1273:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 126 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1273:

TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC AAATCCGnTT 60  
 TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA TTTATGCTGG 120  
 TTAACA 126

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1274:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 131 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1274:

5 GATTCTGAAG GATCAATACn ACATGTACAA TTTTGGCGTA GGTGCAAAGG CATCAGGTTT 60  
 GCTTGCTAAT CTACATCGAA GCGGCTACCT AAATTAATGA GAAATCACAC TCAGTTAATG 120  
 CATGTACTAG C 131

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1275:

- 10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1275:

20 TGGAGTATTA CCTCAAGTGA ATACAACATA CCTGTTGGAA GATTTTTTCAA AACTTTAATT 60  
 GGACCAAGTG ATGCCATTGA TGAGTTAAAT CCTAATAGAT TCAGGTTACC TCGGATGATT 120  
 GATACTAATT TGGCCTGGCG CACGCTTTAG TAnTAGTGG 159

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1276:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 577 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1276:

35 GAAGTAAATA ATATATAGAA TATAACAGGA AATAAAATAG ATAATATTAA TGTGTTTTTT 60  
 TTACGCATTA TAACTTTAAA TTCGATTTTC AAGTAACTTA GTATCATAAT TAGATCCCCT 120  
 40 TTGCTTTTTA TTGnTGAAGT ATGAATCAAC AATTGAGACT tTTTGTATTT CAATATCATC 180  
 CAAATTAATA TGAAGTTGTT GAAGATATAA AATCGTATCA TTTACATTTG AAGTAATAAT 240  
 TTTsATAGTG CCATTATGAT TTTyycTGAA TAACTAAATC ATCTTTATCT AGTTTTAACT 300  
 45 TTCTTATATA TTCATCGGAT AACGTAATCT GAGATTGCTG ATTGGTTCTA ATATGTGACG 360  
 TTGAATCATT AAGTATTATT TCTCCATTTT CAATGAGAAT AATTTTGTCT GACATACGTT 420  
 50 CGACTTCTTC AATATAGTGC GATGTATAGA GTATCGTTTCG ATTATCTTCT TTAAATTTT 480  
 CAATAATTGA CCAAAAATAT TCTCTAATTT CTATATCCAT AGTCGATGTT GGTTTCATCTA 540

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1277:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 131 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1277:

CTAAAnTAAG GTAATAGTTA CCAAGTACCA TATCTTGTGG ATGGTGTACT ACAGGTTTAC 60  
 CATCTTTAGG TTCAAGATGT TTTGATGACT GCTAACATCA ACATTCTTGC TTCAGCTTGT 120  
 GCCTCTTTTG A 131

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1278:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 166 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1278:

GTTTGCAGATA TTTTAGGCAG ACAACCTAAC TTTACAGAAA CAGGTATCTT TTCTGTTATG 60  
 TGGAGTGAAC ATTGCTCTTA TAAACATTCT AAACCGTTTT TAAAGAATTT CCTACGCAGG 120  
 TGCCATGGTT TGGGCTGGAG TCAGGTGCGT TGTGTATAGC TGATnA 166

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1279:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 418 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1279:

CATAATTATG AAAATGATAT GATTTTTATT AGACCATTTA AAAAAGCATA ATTTAAATCG 60  
 AAGGCAGGAC ATTGAAATAT GAAATTTTCA ACTTTAAGTG AAGAAGAATT TACCAACTAC 120  
 ACCAAAAAGC ACTTCAAACA TTATACGCAG TCTATAGAAT TATATAATTA TAGAAATAAA 180  
 ATAAATCATG AAGCACATAT TGTGGGAGTG AAGAATGATA AAAATGAAGT TATAGCTGCA 240  
 TGTTTATTAA CAGAGGCACG AATTTTAAA TTCTACAAAT ATTTCTACTC TCATAGAGGT 300

ATTCATTTAT AAAAATAGAG GAGTATTTAT TCTTGTTGAT CCATATnTAA TAGAGAAT

418

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1280:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 449 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1280:

15	GACATATCAT AAATTACATG GTGATAAAAT TnTCGGCTAC GATACTAACG GATTCCCGAT	60
	TACCTGGTTT TATCCATTAG GTGAAAAGAA AGTTGAACGT AAGGCACCAA AATTAGAAAA	120
	ATAATTAAAT AAAACAGCTT AATGATGTAA TGAAATTAGT GAGTTAATCA CTGACTTCTA	180
20	CGTCATTGAG CTGTTTTTTT GTGCTTTGTT ACAAAGCATT ATTGAATTTA TTTTACGTGT	240
	TCATATTTTG AAACATCAAA GCCGTCTTGT TTAGCTTTGT TGATAATGTC TTTGATTGAA	300
	TGTAGTCCTT TATCGGCGAA GTATGATCTT AAGTTGTCTT TTGTAGCTTG GTCAGCATTC	360
25	TTATCTAATA ACACATCAAT ATAACTTAAT TCATGTTCTA AGAAGTTTGC ATCATCATGT	420
	AGTACGAGTC CATTTTGAGA ATAAACTTT	449

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1281:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 289 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1281:

40	TATTTATATG TACTGATGAT GAAGTTTATT ATCTATCAAG TGGATCAAAT CCGAAATATA	60
	ATCAGTATAT GGGTGCATAT CATCTACAAT GGCATATGAT AAAATATGCA AAATCACATA	120
	ATATTAATAG GTATAATTTT TATGGAATAA CAGGCGTCTT TAGTAATGAG GCGGATGATT	180
45	TTGGTGTTC ACAAATTTAAA AAGGGTTTTA ATGCACATGT TGAAGAATTA ATTGGTGATT	240
	TCATCCAACC AGTAAAACCC ATTCCAATAT TAATnTGCCA AACCTnAAT	289

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1282:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 402 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1282:

5    ATTCAGSTCG AGGTGGCCCG GCTCCATGCA CCGCGACGCA ACGGGGGAGG CAGACAAGGT    60  
      ATAGGGCGGC GCCTACAATC CATGCCAACC CGTTCCATGT GCTCGCCGAG GCGGCATAAA    120  
      TCGCCGTGAC GATCAGCGGT CCAATGATCG AAGTTAGGCT GGTAAGAGCC GCGAGCGATC    180  
 10    CTTGAAGCTG TCCCTGATGG TCGTCATCTA CCTGCCTGGA CAGCATGGCC TGCAACGCGG    240  
      GCATCCCGAT GCCGCCGAA GCGAGAAGAA CTAATTGATA CAACACTTTC TCAACCTGAT    300  
      CTTCTTTACC TTCTACATAG CGCGTGAgCA GAACcATCTT GATGgCACAG CTAAATAATG    360  
 15    CaATgGGAAT GATGTATGAC ATTCGGGGTG CATAATTTCT CT    402

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1283:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 20    (A) LENGTH: 224 base pairs  
      (B) TYPE: nucleic acid  
      (C) STRANDEDNESS: double  
      (D) TOPOLOGY: linear

## 25    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1283:

TATTGACAAC CAGAGTACAA ACAGCAGCTA TATTATAGAC TTAGGTCTGA AGTGGTAGTG    60  
 GCGGTGGACT ATTGTTGCGA CTGGACACCC GAGATATTGC TCAGCAnAGC ATCATATACA    120  
 30    GGAAGTATTA AAAGAGACTT GnCGAGTAAC AAATACTGAA GTAATAAGAT TAAAAGAGTG    180  
      AGGTGTATAA TIATCCTCGT TCTTTTATAT TAGTATGATA GAGA    224

## 35    (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1284:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40    (A) LENGTH: 146 base pairs  
      (B) TYPE: nucleic acid  
      (C) STRANDEDNESS: double  
      (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1284:

45    CGTGGGAGAT TGTGCATATT GATTATGCAA GGAAGnACGC CATAAAAGTG GATGGCCAGA    60  
      CATCATTAAT ATTATTGATA CCACATCAGA AGGTATTCAA AGTGAATCGG TGATAAGTGA    120  
 50    ATCAATTAAG TCTGCCAAAG AAAAGA    146

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1285:

- (A) LENGTH: 137 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1285:

10 ATTTTCGCGTG ACTGGACTTG GATCCGCAAC TTGGTAATTT AAGGAATTCT TGTCATTATA 60  
 AGCCCTCCAT TTCATGATTT GATTTGCCAC TCGGTAACCA TTGGGGTTAC AGCTTCACTA 120  
 GGGGAnATAC GAACCTC 137

15

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1286:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 594 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1286:

25

GCTATTGATT ATGGTTAGCm TGTGTTCwC TTTACTCATT GTTCCTTGgt TAAGCTCrAA 60  
 AAAAGCACGT ACTTTAAAGA AACATGCAGC TAATGAACAG GCCCGATTTT TAAATCATT 120  
 30 TTATGATTAT AAAGCTGGTA TGGATGAACT ACGTCGATTT AATCAAATTA ATCATTATCG 180  
 AGATAATTTG ATGGCTAAAT TAAATCATTT TGATAAATTA CAACTTAAAG AGCAACGCTT 240  
 TTTAACGATT TATGATTTTA TATTAAATAT TATTGCTATG CTTTCGATTT TTGGTAGTTT 300  
 35 AGTTCTAGGA TTAATTCAAA TTAATGCAGG CCAACTAAAT ATTATTTATA TGACGAGTAT 360  
 AGTTTTAATG GTCTTAACTT TATTTGAACA AGCTGTACCA ATGACAAATG TCGCGTATTA 420  
 TAAAGCGGAT ACTGACCAAG CATTGCACGA TATTAATGAA GTGATATCTG TACCTTCTAC 480  
 40 TAATGGAAAA AAACGTCTTA ATGATAAGTA TGATGCAACG AACATTTATG AAGTTAAGGA 540  
 TGCTAGTTTT AAGTATTGGA ATCAGCAAAC GTATGTnTTG TCGGATATtn ATTT 594

45

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1287:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 233 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1287:

55

TGAAGTAGTA ATAAACCCGG AACCCCTAAAA CTGGATGGAG GATGAAACCA AAAAGGAACC 120  
 AGCCAAGCCA AATTGGGGAA ACCAGGACGG CCCAATGGAG GTCCAACCAA TCCAAACCCC 180  
 ATTCCGCTAA TgNCTATGGG TCCCAATTAG GAATCCAATG GATGGATGGA TTh 233

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1288:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 132 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1288:

AATCCCTGTA CGTTCGTAAA GCTAGCTGGn TAATAAAAAA GAGTCTGGAA AGTAGGCAAC 60  
 AATCAATGAC AATGAGCAGA TCCAATCGCA GTATGCTTAC TCGTGTAAGA AACGCAAACA 120  
 TGGTGCGTCA CG 132

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1289:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 154 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1289:

TATCTGATAA TTCTGTACCC AGGCGTTTTA ATATGTTTAT CTGGTGTCAAT GATACATAAA 60  
 CATTGTACCT TTAGGTCATA CGATGTCGCA AATAACTGCT CTTGCCGTTA CAACACCATT 120  
 ACGGTTATAC ACTThTAGCC AATCATTATC TGGG 154

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1290:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 145 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1290:

AAAAGTGGCA CATGCGGCTG TAAAGTCCTC TGTTCCTGAT AAATCATAAC CTATATACAT 60  
 GTCTACCTTC CAACTCATCT AAGAAATAAG TCATATTTTT TTGAATGTTG GATAATCAAT 120

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1291:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 360 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1291:

CTTAATGCTA TATATTCTTT GTTTTTGATA CCATTTTCATC GTCTTCTCTT GATTTCTAAA 60  
 CAATTTAGAA AATAAAAGAA TATACGCTTC AGACTTATTA AAACCCGCTA TATCATCTTG 120  
 ATATTGTATT AACAATTGAG TAAAGCTGTG TATTAAGTCA TCTTCTTCG ATGCAATGGT 180  
 AGTTAATGAT TTTACACGAT AAGCATATTT ATCTGTAAAT AACTTAGCAA CTACCCACCC 240  
 TAAATCATGT CCTAGAATAT GTGCCTCATG AATATTTAAC TTCTCCATTA GAATTTTTTAA 300  
 ATCCTCAACG TGATCGTTTA AATCGTATGA TTCACTTTTA GAAGACTTGC CATGAcCTCT 360

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1292:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 164 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1292:

TGTGTTAGTT GTTTATGTTG TTGATATATA CTGCTCGTGC ACATGGTACC CAGACGATTC 60  
 AACGnTGAGT ACACAAAATA CAAATCTAC GGCACATGGT ACCGTTTATA AAAGATGTGG 120  
 AACCTTACTA GCATTTGTTG AGAACGCTAC ACGTTTAAAT CAAG 164

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1293:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 132 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1293:

TTAATTTTCT ATATATTTCT TAGGTTATAT TGGTATCTAT GCCAGTAAGT GACATGACGT 60  
 TAGATCATTG AATCCAAGAT CGAnACATTG GGACATATTT ATTAACGACA TGGCTTCAAC 120

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1294:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 213 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1294:

GTCATGCnTA ACAGGTGAAT ACCTAGTAAT TCAGATATTA TCATTTATAT ACCCTCTTAT 60  
 ATTTTAGTGC ATTATCTCGA AATCGAGATA CTTAATGTAA ATTTTtagTG CAGCCTACAC 120  
 TTCGTGATTG GGCAntagTT CTAAACGCT GTGGTAAGAT GTTAATTCAT CCTTGGTTAA 180  
 CACACAAACG CTTGGTTAAT GCTCAGCAGC TAG 213

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1295:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 163 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1295:

AAGAAGTTTG AAGTCTATGA AAACAATCAA AAATTGCCAG TGAGACTTGT ATCATATAGT 60  
 CCTGTACCAG AAGACCATGC CTATATTCGA TTCCAGTTT CAGATGGCAC ACAGATGAAA 120  
 TGTTTCTCGn CCAATGAGAG GGAGAACATA GTATCAATAG ATG 163

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1296:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 207 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1296:

TAGCTTTAAT ACATTCTGAT TTTTAAACGC TTCGAAATGT TTTCAGTAAC TAATTTTGCC 60  
 ATAATCCCAA AAACCTCTTG ATTATTAAct GCnTTTTGAT TGGCTACATT AAGGCTTTAT 120  
 ACACATCAGC TCACCATGCC CATATCTACT AATGGTTATA TCCCTAGAGT CCCAGCGATA 180  
 TAACATCAAC GCTTACnGGA GTTTCAG 207

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 145 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1297:

ATGGCATCGG TTGGTTATGA AAAGnCAAGC CATGGGGAGG CCATATTTGG GGTGGAATCA 60  
 TACCTGGAAC CTTTGGTGCC TACCACCAAT TGGTAACGGT TTTACCATCG GATTTTtagT 120  
 GATACAGCGA TATGTTTTGT ACAGG 145

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1298:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 139 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1298:

TCCAAAAGTT AAAGGTCAAT TGAAACAGAn AAAGCTTATT ATGTCTGGAA AAGTATTAAA 60  
 AGTAATGGTA TCAAATGACA TTGAACGTAA TCATTTTGAT AAGGCATGTA ATGAAGTCTT 120  
 TCAAGCGTTG AATTGTGGT 139

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1299:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1299:

GATATTGGCA ACCTTCAGCC GATGACCTCA TGGCAAATGA TTGGGAAGTT ATAAACCCAA 60  
 CTAGAGACCA GGAATTATTG AAGCAATTAT AGAAATGCTA TCAATGATAC TTTTAAATT 120  
 GTTTTAAAC TCATTTTCAA AGTAAACAAC AGTCTTGTCT GAAATTGTTA CATGATAAAT 180  
 AGTGTTACTA GCATACACGC CGTTTAGGAA CCCAGAGTTT TTAAGTTTAT TTAAATCGTA 240  
 TTTTACATCT TCGAAATGTA GTTTTGAAG ATACTTTGTA TGTATATCTT TAGCACTTCC 300  
 AAAATTTATT GGCAGGTAA TTTAATCGAA CCTAACTTTA CACATTCTAA ATAATCTTTG 360

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1300:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 693 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1300:

CTACAGTGCA ATTAAACCAT GAAGTTGTTG ATTTTGAACA ATTATCAAAT GGTCAATGGG 60  
 AAGTTACTGT TAAAAATCGC CTAAGTGGTG AGAAATTCAA ACAAGTAACT GACTACGTAT 120  
 TCATCGGTGC TGGCGGTGGA GCAATTCCAT TATTACAAA AACAGGTATC CCTGAAAGTA 180  
 AACATTTGGG TGGATTCCCT ATCAGTGGTC AATTCTTAGC TTGTACAAAC CCAAGTTA 240  
 TTGAACAACA CGATGCCAAA GTTTATGGTA AAGAGCCACC TGGTACACCA CCAATGACTG 300  
 TACCTCATTT AGATACGCGT TACATTGATG GTCAAAGAAC ATTATTATTT GGACCATTG 360  
 CTAATGTTGG ACCTAAATTC TTGAAAAATG GTTCTAACTT AGATTTATTC AAGTCTGTTA 420  
 AAACATACAA CATTACAACT TTATTAGCAG CAGCAGTnAA AACTTACCT TTAATTAAAT 480  
 ACTCATTTGA CCAAGTAATT ATGACAAAAG AAGGTTGTAT GAACCACTTA CGTACTTTCT 540  
 ATCCAGAAGC ACGTAATGAA GATTGGCAAT TATACACTGC TGGTAAACGT GTACAAGTTA 600  
 TCAAAGATAC ACCTGAACAC GGTAAAGGAT TCATCCAATT CGGTACAGAA GTGGTTAACT 660  
 CACAAGACCA CACTGnAATT GCATTATTAG GTG 693

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1301:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 471 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1301:

CATACTGGG TAATGCTGCC CATGGnACGC TGGnACAAGG TAAAGTTGCA CGTTTAATTT 60  
 GTGnATGTAT ATAAAACAGA TGGGAACACC ATTTGAAGGG GATCCTCGTG CAACTTAAA 120  
 ACGTGTATTA AAAGAAATGG AAGATTTAGG cTTCACAGAC TTAAACCTAG GACCTGAACC 180  
 AGAATTCCTC TTGTTTAAGT TGGATGAAAA AGGGGAACCA ACTTTAGAAC TTAATGATGA 240  
 TGGTGGATAT TTCGATTTAG CACCTACAGA TTTAGGTGAA AACTGTCGTC GTGATATTGT 300

TCAACATGAA AtTGACTTaA ATATGCAGAT GCTGTTACAG CATGTGATAA TATCCAAACA 420  
 TTTAAATTGG TTGTTAAAC AATCGCACGT AAACATAATT TACACGCAAC A 471

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1302:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1302:

CATGTGATTA AGAACGTTCA CTGATGAATT TTTGATGATC GTTCGGTTTT TGTTCGGATT 60  
 TTAATGATTA TTTATACAAA AACAGCCGTA TTTCAAGCCG TACATTTTAA ATTAACTAA 120  
 ATTTGCATCT AGTTAATAAT TGCATTTATC AAATTTGTCT TATTGATCCA ATCTAATTTG 180  
 TACTCACAAA CTAGTTTTAA ATTCTAACTT TATCTCTCAG TTCGTTATCA ATCATCAGAC 240  
 ATAAACCAAT GAAGCAATCA GAAACACTC TAATTTTCTa TTAGAAATTT GnTTTAATAT 300  
 AAAAAACAG GCTTACTTCA TATAATTTAT GAAATAAACC CGTCAATTTT TGTTTAATAT 360  
 GCTTGGTGAT CTnTTATTCT GCGTAATAAT GCTAAACCTG 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1303:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 128 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1303:

AAAAGCTTAG TTGAACTTTC AACGTATCTT AGCTACTGAA GGTGCAGAAG TTTTAGAAGC 60  
 AAAAGACTGG GGTAAACTnC GCCTAGCTTA TGAAATCAAT GGATTTCAAA GATGGGCTCT 120  
 ACAACATC 128

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1304:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TCCTTCGGAT TCTAAATGGC ATTGGACAGT GTTTACAAGC TCGCATTCTT CCACTTTTTTG 60  
 CAATTTCTTT TACAATTTCT AAAGCTTCAT CAAAGTTTCC TTCAATAGnA AACGATTCTT 120  
 5 GCACCATACA TTACTGACTT G 141

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1305:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 162 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1305:

GACTGGTAAA CACTAAGTGA ATTAGCTGGA CAATGAAAAA TATCCACAAT CATTAAATTAA 60  
 20 CGTACGCGTA ACAGATAATA TCGGTTGAAG AAATGTTGAC GTTAAGAGTT ATGACTAAnT 120  
 AGAGTAGAAT GATGGTGAGG TCGATTTTAG TAGACTCTGG AC 162

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1306:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 282 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1306:

TTCTTAGTTG CTCGAACTAA TAATTTGCTT AATAATGATs TAGCTGTTAT TGTGTCATAT 60  
 TCTAAAGGTG CCATAAATTT AAAAActATA GTAGTTGTTT TAAATTTAGT TGTTGGTGAA 120  
 ACTTTGATAT GTATATTTGG TTGAGATTGT CTAActAAAT ATATAGCCTC CTCTATATCT 180  
 40 TCTTACATCT ATATTTTTCT AGTGATTTTA AATTGAACTA AGCTATTTTT CATATAATTT 240  
 AATGAATACA AAATAGGTTC ATCTGATTCA TTATAGTGCG TA 282

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1307:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 276 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1307:

AAGGAAAAAA CCCTTGGCCT TTGGAAAAAA CCCAAAAGGA AAGGGGTTTA AAAAAAAAAA 120  
 AAGTTTAACC CGGTTGGCCC CAATTCCTGC CCGGGGAACC CAAAAGGAnT TTTAAAAAAG 180  
 5 GAAACCCAAT TCCCGGCCGG AAAAGGGTTT TTAAGCCCA CCGGATTTTA AGGAAAACCA 240  
 TTTTAAGATT ACCTGGGAAA AAAAACCGTT TAGGAA 276

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1308:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 692 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1308:

20 TGTATTTAAT GCTCGTACAC ACAATTACAA AACTGCAAGA GAAAAAGCAT TGAGTAATAA 60  
 TCATATTCCA GAAAATGTAT ATGACAATCT AGTAAAAACT GTACATAAAT ATTTACCATT 120  
 GCTACATAGA TATACTGAAT TGCACAAAGA ATTGCTAGGT TTAGATGACT TGAAAATGTA 180  
 25 TGATTTATAT ACACCATTAA TTAAAGATAT TAAGTTTGAA ATGCCTTATG AAGAAGCTAA 240  
 AGAGTGGATG TTAAAAGCAT TAGAACCAAT GGGTGAAGAA TATTTAAATG TAGTTAAAGA 300  
 AGGCTTArAC AATCGTTGGG TCGATGTCTA TGAGaATAAA GGTAAACGTT CAGGTGGCTA 360  
 30 TTCATCAGGT GCACATTTAA CTAATCCATT TATCTACTT AACTGGTCTA ATACTATTTT 420  
 AGACTTATAC ACATTAGTTC ATGAATTTGG GCaTTCaGCA CATAGTTAcT TCaGTAGAAa 480  
 35 ATTCCaACCg TCaAATTCTa GTGACTACaC TATTTTGTG GcTGAAGTTG CaTCAACTTG 540  
 TAACGAAGCA CTTTAAAGTG ATTATATGGA TAAACATCTT GATGATGAAA AACGCTTATT 600  
 ATTATTAAAC CAAGAATTAG AnCGTTTCAG AGCTACATTA TTCCGACAAA CAATGTTTCGC 660  
 40 AGAATTTGAG CATAAnATTc ATGCAATTGA AG 692

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 45 (A) LENGTH: 151 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1309:

GGACTATTcG ATGATAGCTT TTTTGAAGTG ATTTACTAAA ATGAAAGCAA GTACTATATA 60

atCGAGTAAT ATCTATATAT GACATTTTAA A

151

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1310:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 115 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1310:

TGTGCATTTG ATAATATTCA CTATGATTCG TGGTCATTCA CATCGTCTAC GCTCACCGGT 60

CTAAACGTAC CTAACCCAAC ATGTAATGAA CAAATGCGAT ATTAnCACCT TTATT 115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1311:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 164 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1311:

CACCCAACTG ACCTCAATGG TATAATGCAT TTGTGAATAC CGAATATCAT TGGAATATCT 60

CCTATCATAG GAATATAATA TGTATATATC TTCGTAATCn TGTTCAATTTT TAAGAAAATC 120

AATAGAAGTG TATCGATTAA AACTACATTT GAACCATTAC TTTG 164

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1312:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1312:

GAGGAAAATC GAAGTGAAAT TATTAAAATA TGGCGATGGT GGAATACGAA TAGATGGTGG 60

TTTAATAGGC GGCTTTATTC GGGTGTATT GTATGTAAAG TGAAAAATTT AAnCCCATTT 120

CAAATTGGTG ATATCGTTGC G 141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1313:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 133 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1313:

AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA nTCCAGAGGA TTACAATTAT 60  
TAGTTTCAAT AATCACGATT AGTTGAGATG GTTAGCCACA ACTTTCTAGT GTATCACCAT 120  
TATATGTATC GGT 133

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1314:

15

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 629 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1314:

TTGCAATTAG AATGCTGTTT CACCCCTTTA AACCATACTA TATATTTAAA TTTAGAGTCC 60  
CATTTACACC AGGTTTAATA CCGAAAAGAC GCGAAGAAAT TGCAACTAAA ATTGGCCAAG 120  
TGATTGAAGA GCATTTGCTT ACAGAAACTT TAATTAATGA AAAATTGAAA AGCGAGCAAT 180  
CACAGCAAGC AATAGAATCT ATGATTCAAC AGCAGTTACA AAAGTTGACG AAAGATCAAT 240  
TGTCATAAAA ACAAATTACT TCTCAAATCG tATTGATTTA GAACAAGTAT TACaAACTAA 300  
TGGAAATCAA TATATTGAAT CACAATTgAA TAATTATTAT aCAAAGCaTC AAAACCAAAC 360  
AATAGCATCT TTATTGCCAA ATCAACTTGT AACATTTTTA AATCAGCATG TAGATAACGC 420  
AACAGACTTA TTATGTGATC GTGCAAGGAA TTATTTATCA TCTGCAAAAG GCACACAAGA 480  
TATTAATGAT ATGTTGGATA CTTTTTTCAA TGAGAAAGGT AAGTTAATTG GTATGTTGCA 540  
AATGTTTATG ACAAAGAGA GTATTGCAGA TCGATTCAA CAAGAACTTA TACGTTTAAC 600  
ATCTCATCCT AAAGCAAGAA CAATTGTGA 629

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1315:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 399 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1315:

55

ATACAGGTAC GTTCGTTATC AATGGTGCAG AACGTGTAAT CGTATCTCAA TTAGTTCGTT 120  
 CACCATCCGT TTATTTCAAT GAAAAAATCG AAAAAAATGG TCGTGAAAAC TATGATGCAA 180  
 5 CAATTATTCC AAACCGTGGT GCATGGTTAG AATATGAAAC AGATGCTAAA GATGTTGTAT 240  
 ACGTACGTAT TGATAGAACA CGTAAACTAC CATTAACAGT ATTGTTACGT GCATTAGGGT 300  
 TCTCAAGCGA CCCAAGAAAT TGnTGACCTT TAAGGGGACC AATGGAATAT nTACCGTAAT 360  
 10 ACCTTTAGGA GGAAAGACCG GCACCTGAAA CCACTGGAA 399

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1316:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 778 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1316:

ATAAACATTT TAAnATGTAA TtnAGAAATT TTTTtagTAC AAAATCTTTC TTAATAATGA 60  
 25 TTAAGGAGGT CAGTAATGAT TGAAATTAAA ACATTAACGA ATAATGATTT TAATGAGTAT 120  
 AAGAGACTTG TTTCGACAGT CAATGAAGAA TTCACTCAAG ATTCACATTA TAGTCAAACA 180  
 ATGactGACA CCTTAATACA TGACATTTTA AATCAAGGTT CACCGAAATG TATTGTATTT 240  
 30 GGCTGTTATG AAAACGAAAC ACTTATCGCA ACAGCTGCCT TAGAACAAAT TCGATACGTT 300  
 GGAAAAGAAC ATAAATCATT AATTAAATAC AACTTTGTTA CTAATAACGA TAAATCGATT 360  
 AATAGCGAGC TCATTAATTT CATTATTAAT TATGCACGGC AGAACAATTA CGAATCTTTA 420  
 35 CTTACATCAA TTGTGTCAA CAACATAGnn GCTAAAGTTT TCTATAGTGC ACTAGGATTC 480  
 GACATTCTTG GTTTTGAGAA AAATGCAATT AAAATCGGAA ATACCTATTT CGATGAACAT 540  
 40 TGGCTTTTTT ATGATTTGAT TAATAAGTAA TACAGTTTTA TATATTCTAC rTTTCTCATA 600  
 AATTCAAATC ATATAGGTTT TATTTTTCAT ACACTACTC TACTATTGAG TAGTTGTTTT 660  
 TTATTTGATA TGATAACAAT AAGTTTTTTT CAGAATATTC TATGTTTTAG GGGTGTCAAA 720  
 45 ACTTAATGGG TAACCGCAAT TATTCATGGA nTTATChTAA GCGATTGGGT CCTAAnTT 778

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1317:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 465 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1317:

5 TGCACAAGGT GGTGCAGCAA TTGCAGCGTT CTTTATTATT AAACAAAATA AGAAGTTAAA 60  
 AGGTGTGGCA TCTGCCGCAG TATTTTCAGC ATTACTTGGT ATTACAGAAC CGGCTATGTT 120  
 TGGTGTACT TAAACTAAG ATATCCATTT ATTGGCGCTA TCGTTGGATC AGGTATTGGT 180  
 10 TCAGCATATA TTGCTTTCTT CAAGGTAAAA GCAATCGCAT TAGGAACTGC TGGATTGCCA 240  
 GgATTtATTT CAATCAATCC AGTACATGCA GgATGGTTAC ACTaCTTTGT TGGTATGACA 300  
 ATATCATTcA TCATTGcTAT AACAGTTACT TTAAtTTTAT CtAAaAGAAa AGCAAATAAA 360  
 15 GAAGTTGTAG AATAAAAAAA GAGGTATGAC AGTAATCAAA GTATCAGTCA TTGCAAATGC 420  
 AATAGGATGA AACTTTAAGC TGTCATACCT TThAATTTAG TTATA 465

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1318:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1318:

30 GACTTAATAT AACTGATCTT TTGCTATTAT TGAAACATAT TTATAAGAA AATAGCATTG 60  
 CATAATACCC AAGCAATAAA TACTATAATA TTTTGAAGT AACTAATCAA ACATCTAAGA 120  
 CATGATTGAT AnCACCACAG AAAAATAAGA 150

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1319:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 131 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1319:

45 CCACCTTTTA ACGTACGTAT CCATGAATCA TATGATTAAT TTAATATCAT TATTACTTAT 60  
 TTCTTATCTT TATThTCTTT TTTTCTTCTG AAAAGTAGTA ATGAACCTAT TGATGCTAAT 120  
 AATCCCCAAA T 131

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1320:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 140 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1320:

TAGTGTCCAA ATGAAAGTGT GGCTACCTAT AGCTGGTCCA TGAAGCTTTA TTTTAACTG 60  
 10 GTTTGTACAA TATTTAAATA TCAAAATCTT CTCGCGnTTT GGACAGTTTT TTTGGTATTA 120  
 ACCATTAATA AACGGAAAGA 140

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1321:

15

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 140 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1321:

25 CTTATTATAT AATTCTAATC CTAGTACATT ATACATTTTA TCAAATAGTC AACTGGATAA 60  
 CTTTGAAAGT GAATGATnCT TTTAAAATAA AGAAGATAAT ATAAAGTGCT TGATAATGGA 120  
 TTTGTAGTTG ATGATTTAAA 140

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1322:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 185 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1322:

40

TCGTTGCAAC ACAGGCACTA TTTTACCTTT ATATGTTGTA ATAGTTTGAT TGCTGCCATT 60  
 TAAACAACCA CCTTTCTTAC TCCACAAATT TACCATGAAT AGCGCGCGCG CCATAGCGGG 120  
 45 ATACTAAAGT GTTCTGCACC TTGCCTGTCT CCTTCAAnTT TCGATTACTG TAGAGCACAA 180  
 GTACG 185

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1323:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 148 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 55 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1323:

5 ACCTGCAATT TTCGTTATTC AAAACAATAA CTATGCAATT TCAACACCAC GGAGCAAGCA 60  
 AACTGCTGCT GAAACATTAG CTCAAAAAGC AATTGCTGTA GGTATTCCTG GGTATCCCAA 120  
 GTTGGTGGTA TGGTGCGGTA nTTGGTTT 148

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1324:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1324:

20 GAAAGCATTG ATGGACAAAG ATGAACCACC AAATGAATGG CGATTAGATT CCAATTGATA 60  
 TGGCTCACGG AAAATTTATG CTACAATTGC GTCCAGTAAA CAGTGGCACT AATAGTCCAC 120  
 25 TTAnGCTCCC TAGTGGATGA A 141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 204 base pairs  
 30 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1325:

TTATACTATC GTGAAGGGTT TATTACTCAA TTAATGCCTA AAAAGGATAA AAGTTATTTA 60  
 GTTATTGATA ATTTTAATCG TATAGATACA GACATTTTCC AAACGTATAT TAATGTGTTA 120  
 40 GAAGGCTATG AAGTAACATT ACCACGTTAT AATAAAGACG GTAATATGAT TAAATGGTCA 180  
 CGACAAAAAG ATTCTTTCTA TTAT 204

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1326:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 147 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1326:

TTTGTTAAAA GTCTTCATTT CGGATGAAGC TTTATCTATT GAACGCTCCA AATTATTTAA 120  
 AGCAGCTTTT TCTTTATTAA CAGCTGT 147

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1327:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 530 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1327:

CATTnAATGA AGAAACTGAA CCCnGAACTA TACGACGCAG AAGGCAATTT AATTAATAAT 60  
 AGTAAAACAT CCAGCTTAAT CCATTGATGT GTTATAAAAG TGAAAAGCTC CAATCAAAGT 120  
 TGACGCTCAA ATAGTTTAAC TTTGATCGGA GCTTTTTTTAT AATGTATACC GAAAGGTTCA 180  
 AATATTATAT AATGGTAGAA TTGAAAGAGA ATATAAAAAA GTGAGGATAT AAAATGAAAG 240  
 TTAATCCTAA TAATATAGAA TTAATCATTG GTGCAGTAAA AGAAGAACAA TATCCAGAAA 300  
 CAGAATTGTC TGAAGTGCAC TGAGCGGTCG ATCTAATGTA GGTAAGTCTA CATTATATcCA 360  
 ATAGTATGAT TGGCAGAAAA AATATGGCAC GTACATCACA GCAACCCGGC AAAACGCAAA 420  
 CGTTAAATTT TTATAATATA GATGAACAAC TTATTTTTGT GGATGTTCCA GGGTATGGAT 480  
 ATGCTAAAGT AAGTAAACA CAACGTGAAA AATTTGGGAA AATGATTGAG 530

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1328:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 153 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1328:

AAGAAAGTTT GATCTAGGCC AACCTTTCTA ACAACGATAC GACAGTTTAA TAATGTCTCA 60  
 TATCTTGACT TCCCATGATG ATATGGTCGT TAATCACATC AATGACTTAA ATCTGGATnA 120  
 ATAGATGCGA ATGGATCTTG AAAAATCATT GTA 153

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1329:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 115 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1329:

5 TGTAGTTCGT TTGTGCTCTA ATTAAACGGT CGAAACCATG GATTAGACCT GCGATTACAA 60  
CTGCAATGAT ACCTGAAGCA TGAACCTTCTT CTGnTAAAAA GTATACGACA AAAGG 115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1330:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 112 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1330:

20 AACAAAGTTAT CTACATCTGC TGATAGGCAT ACTATTACTA ATAAATAATG CATCTTTTGT 60  
CCAGATGTTT TCTTAATCAA TTGCACCAAC GAATGGCACT CTCATCTGTA Gn 112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1331:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 203 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1331:

35 TTCATTGCAG ACAnTTGGTG AACCATGTGG ACGAACTAGT CCTAGATTAA GATAAGAGAT 60  
TAGTGAnCAT TGCCACCACT GCAATTAAAC ATTCTTGGA AAATTAACCTT AAGTTAGAAT 120  
CTTAATGCAT ACAGATACGG CGAAGATGAT GCCAAAGAAC GTCACGACTT TATGATGATG 180  
ACTGAACCCA GTTTTTACGG AAG 203

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1332:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 269 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1332:

ATGATGTACT AATATCTAAT AAGCTTGCTA AGTCTTGAGA CCTCATTTTA ATCACCTTTT 60

GACTATCTAT TTCTGTTAGT ACGTTTGACA TATTAATCAC TCCaCyTTAA CGCAaTAWAw 180  
 TTTAwTAGCG TTGGCTATTG TTGTTTAACG CGATGGnATT TACAACTTGT AACGTAAGAG 240  
 5 AATGAAAAAT AAGCTGnATA TGTTGTTTG 269

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1333:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 10 (A) LENGTH: 142 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1333:

TAGCTTTTGC CCAATATGGT GAATCATGCG CCGTTCTGTA ATAATCTTCA CTTGGCATTG 60  
 20 TTGGAATTTG AACAAATCC TGTTCAATTTT TATAGAnTGC TTAAATGGTA CAGCTGAAAA 120  
 ATCAAAGTAA TGTCCTTTTC TG 142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1334:

- 25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 211 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1334:

35 ACTGATGCCC AATATGCATC TTGnCAATTG CAGGTGTGCA TGACTAAACA CATGACAAAT 60  
 CTGCCTGACT TTTTGCTGAC CCATAAATAA TTGGnCTAAC TTTTTCATC TTGATCTTGC 120  
 ATCCTTGCCT TCCTATTTAA AATGCTACAA ATAAATTTGC CGGCGAGTGA ATTTTAATGT 180  
 40 TTTACAACGC TGTTCAATAC CTGGGAATAA G 211

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1335:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 129 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1335:

CTTGAATCTC TTGTGCCTCT GTGATGTATC ATCAAATTAT TTGCACTGCT TCTTCTTTTA 60

TCCGCTCGC

129

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1336:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 633 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1336:

15	CATGATGGCh TCTTACCAAA GGCGATTTTA AGAGCAATGA TACCAAGATA TTTTAAATAC	60
	TGATCAAAGT TCAGGTGGTA GCACAATTAC ACAACAACCTT GTTAAAAATC AAGTTCCTTAC	120
	CAACGAAAAA ACATATAGTA GAAAAGCAAA TGAATnCGCC TAGCAATTAG ATTAGAACAC	180
20	CTACTCTCAA AAGATGAAAT TATATATACA TATTTAAATA TAGTTCctTC GGTAGAGATT	240
	ATAATGGCGC TAATATTTCC GGAATTGCAT CCGCTTCATA TAGTCTATTT GGTATTCCAC	300
	CAAAAGATTT ATCAATTGCA CAATCTGCAT ACCTTATCGG TTTGTTGCAA AGCCCATATG	360
25	GCTATACACC CTACGAAAAA GATGGAACGT TAAAATCGGA TAAAGATTTG AAATATAGTA	420
	TTCAAAGACA ACATTATGTA TTAAAGCGTA TGTTAATCGA AGATCAAATC ACTGaAAAAG	480
	AATACAACGA CGCATTAAAA TATGATATTA AATCACATTT GTTAAATCGA AAAAAGCGTT	540
30	AATTGATGCT CACTTTTTTAA AGTAACCACA ACAATGAATC CAAATATTAA AACAGCAGT	600
	AAGATTATTT TCAATTAGAA AATTTCTCAC TGC	633

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1337:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 317 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1337:

45	ATCAATATTT AGCAGTTATC ATTATGCTTG AACGGGTGGT AAAGGCGGAG AAGTCATCCA	60
	CTTTTTCCTA TACTACAAGG ACCTTTACTT TAAAACAACG AATTTACAAA ATAAAAGGCA	120
50	TAATTTCTTT TCTGTCACAT CGCTCATTCT AACTACTAGA CTTTAAAT CGTTCCTGTA	180
	ATTTAACTC AATCAACTnT CAATTAATGA TGCATAATAT GATTATAAGT ATAGTAGTTA	240
	ACTTCAAATA TCTTAGAAAT GTCCTGTACT ATATCTCTTT TATTCTCAA AGTCATAGGT	300

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1338:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 125 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1338:

TACGGCATAT ACCTCGTTCA TCAATGTTTCG TAAACATTAT TTAAAACATC TCTTACATCT 60  
 TCGGTTGGAA GTTCTTCATA GTCGAATTTT ATTGTTTAT CAAAGTTTTT CATTGCGAC 120  
 ACTCC 125

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1339:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 111 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1339:

GAGCTTCGTT CCATTGTTAT CAAACGATTG CCATTCTGAA ATGCTGTAAA TAGCATGCTT 60  
 CAAATCATCT TGTGCCTGCA GCAGTTTCTT TGAATATGC TTCATATCAT T 111

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1340:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1340:

TCACACGTTT AGTTTTCTAT GAATACCAAT ATTTTAACAC CATGTTTAGC CAATTTGTCT 60  
 GCTAAATTAA TCGTGTTTGT CCTCCAAATT GACACGCACC TTTAGTTTTT CTAAATAATG 120  
 ATATCATCAC ATCTCTCAGT TAAAGGTCAA AATATTTG 158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1341:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1341:

5	GCTTCAGGTC AATTAAACG TTCAAGAGCT TTCACATCTC ACTTATTCGC AAACAAGAGC	60
	ACTAAACAAA AACGTCAATT ACGTAAAGCT AGATTAGTGT CTAAGAGCGA TATGAAACGT	120
	GTAAAACAAT TATTAGCATA CAAAAAATAA GAACAAATAC AGAAATCGGT AGGAATTACC	180
10	TAAGGAGGAA TTTTATATGC CACGAGTTAA AGGTGGAACA GTAACAAGAG CGCGTCGTAA	240
	AAAAACGATT AAATTAGCTA AAGGTTACTT CGGTTCAAAA CATACATTAT ACAAAGTAGC	300
	TAAGCAACAA GTAATGAAAT CAGGTCAATA TGCTTCCGT GACCGTCGTC AACGTAAACG	360
15	TGACTTCCGT AAATTATGGA TTACACGTAT CAACGCAGCA	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1342:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20	(A) LENGTH: 400 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1342:

	GTTGAACAAG GGCAACAAAA ATTCGAGCG AAACAGATTT TTGAATGGTT ATATCAAAAA	60
30	AGAGTAGATT CGATTGATGA AATGACGAAC TTATCGAAAG ACTTACGACA GCTTTTAAAA	120
	GATAACTTTA CTGTTACAAC TTTAACAAC GTAGTAAAC AAGAAAGTAA AGACGGTACA	180
	ATTAAATTCT TATTTGAATT ACAAGATGGC TATACAATTG AAAGTGTGTTT AATGAGACAT	240
35	GATTATGGAA ATTCAGTATG TGTAACGACA CAAGTAGGTT GTCGCATCGG ATGTACGTTT	300
	TGTGCTTCTA CACTTGCGCG CTTAAAAAGA AACCTGAAG CTGGCGAAAT TGTTTCACAA	360
40	GTTTAAACAG TTCAAAAAGC CCTTGATGCT ACAGAAGAGC	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1343:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45	(A) LENGTH: 399 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1343:

50	GAAAATTTCA TCAGGTGTTG GCgTGGAACG TACATTCCCA TTACACACAC CAAAAATTGA	60
----	---	----

55

TTTACGTGGT AAAGCTGCTA GAATCCAAGA AATTCGTTAA TCAGCATTTA AACAAAGCTA 180  
 TGTATGAGTC AAATTCGACT CAAACAATAA AGCCATCTAG GTCACCTTTA TGGAGTGATA 240  
 5 TAGATGGCTT TTTTGTCTGT TTAGTTAATG TAAAGTTGAT AATGTAATTG TTTATTCCTT 300  
 CTCTATTCAT AACGTGTTTG CTCAAAATGG TTATATAAAC AAAAATCTAC TAAGTGCCAT 360  
 TGAAGGAC TTAGTAGATT TATTAAATAT ATGCGTAA 399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1344:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 134 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1344:

AACCTACAAC ACCAGGTAAT AACAGCAATA AAGGCACCAG TTAGTGCGGT AATGCCAATA 60  
 TCTAGGCCTT TAGGTTGCCA TAGTACGAGA TGTAGAGGTA CTAGAGGAAT GAGTGTCGCT 120  
 25 AAAGTTGTCTG TCGT 134

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1345:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 109 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1345:

TCATAATAAA CAAGTTCACA TGAATCACAA CATCTGAAGA CAATGTTCAA AATGAGGCTG 60  
 40 GCACAATAGA TGATCGCAAG TCGATCATC ACACAGTACT GAAGCAAGA 109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1346:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 113 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1346:

CCATATCTGG nACGACCGAC ACCTTTACCA CCAACGATTG GTGCCATTTG TTTGCATAAG 60

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1347:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 124 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1347:

CAATTGAAAG GTGAATTTTA TAGGTCCATG ACAAATAAG GCTTGTTAAA GCTTATTAAC 60  
 ACAGTTTCAT CAAATAGTTA AATTAGTTTT TGTTTTGCAA TAAATTGGGT ATAGATTACA 120  
 AaTG 124

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1348:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 337 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1348:

CATCAGTGGC CTGATCACCC CAACATTTGA CATCAATGCA TACCAGTTGA TTTGAACAAT 60  
 GATTGCATTG AGCTATCATC AAGTTTGTCT TTAAGCTACT AAACCCACGA ACCATGTTAA 120  
 CCCCCTGGTC ACCATCACCA ATTGCTCGAT CTAATTCAGT TAATTCAGAT TCATGTTTTT 180  
 TAAACGTTTT TTCTAAATTT AATAACGTG CTTTCATATC ATcAtTTCAT TGTGCaCtaT 240  
 AAaTGtATAT TaTTCATATT CACTTCThAT TTAAAGTATG ACTTGTTGTT GGTGCTAAAA 300  
 ATGChTCCAA ATATTCTGGT TTATnAGGCA CGATAGT 337

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1349:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 162 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1349:

CAGCACGTAA ATACAACAAA GCGATCCCCA GCTTGTGGCA CATCATTAAAT ACCTGTAATT 60  
 TCAACAGGCG TTGATGGACC AGCCGTTTTG ATTCTTTGAC CTAAGTCATT ACATGCCGAA 120

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1350:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1350:

CAATTTTACT TTGAATTCT TTTTATCTT TTCTAGTTTT ATCGTCCCAC TCTTCAATCC 60  
 ATTTTTTAGC TTTATCTTCA TTATTAGTCA ACTTGCCTAT TTCTTTTAAT ATTCTTTATG 120  
 ATTGTATTTA TTGTATGTAT ATGGGATTGT TGGCGCTATT TTTTGGTATT TTTTATATT 180  
 TTTATCCATA GcATCTACAA CAATTAAATC TGGTTTtGcT TTAGCAACTC TTTCAACATC 240  
 ATTTTCTCCA ATATAATCAA CCCCTTTTAA ATAAGGTTTT AAAATTGAAG AATCTTTAGT 300  
 TATATCTGAA ACAGCAATTG GTTTGATTCC TAACTTTATA AAATCACCAA CATAAAATCC 360  
 AGTTAATACA GCAACTCTTT TAAGGTTCTC nGGGACTTT 399

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1351:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1351:

TAAAACTTAG GCGGTTTTGC ATGATTATAG CGCTCAACAC GTTTGAAATT ATAGGTCATC 60  
 TCTGGTATTC TTGTACGATT CTTTTTCCAA TCTAAATCAA AGTTTTCAAT TTCTTCTTTT 120  
 GAGTTTAGAC TTAATCGATC ACGTTCATGT TCTTTAAAAG ATGGAATAAC TTGTTTAAGT 180  
 GACCCTTCCA TTCTTAATTG ACCATGTGAA AACCAAGCTA TGTAGTTACT CACTTGTGaA 240  
 ATTTTATCAA TATCATCACC AATTGACACA ATCGTTAAAT TATTTTCAAT ATAATCATTT 300  
 GTTAATTCAA TCGCAGTTC CATAAATTGT GGTGTTAAAT AGTCAATAAC ATGATTTAAA 360  
 ATAATAATAT TTGATTTTGA TGAGCGTGCA ATACTTAATA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1352:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 117 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1352:

5 AAGGGAACAA AAGCTGGAGC TCCACCGCGG TGcGgCcGCT CTAGAACTAG TGGATCCCCC 60  
GGGCTGCAGG AATTCGGCAC GAGCATATCT AGTATTTTtag GACGGAGGnA GTACATT 117

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1353:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 153 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1353:

20 AGTTCAGGAG AGTTATAAAT ATTAGGGTGG TACATGCCCC AAATCATTGG AATTGTTAAA 60  
GTAGATTTTA CAGTTTAGAG ATAACAGACA TGTCTATATG AAGGGCTGTC TACCCTCGTA 120  
AGGTTATATC CTACAGnTGA ACGTATCAAG CTT 153

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1354:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 159 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1354:

35 TGTTGTAACA GCTCTCTATG TTTACGTTGG AAGTATGGTT TATTTTTCAT CTTACATTTT 60  
AGTTCCTTAT TTAAAAGTGA TAGAGCAATT GCACTCGTAG GTCAAGAAGC GGGATGCCAA 120  
CACAAAGTTC ACAAGAnAAT ACACTTTTGA AAATATTGG 159

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1355:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 118 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1355:

CGnCTTCCTT CAACCATTGT AGAAGTTGTC TCATATACTT ACTACGGCTT GCTAATACTC 60

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1356:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 110 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1356:

GGATTCATTG GTGCTTATTT ATTTACATTC AATAATGAGA nCTTTACACA ACCAATTGGT 60  
 CAAATTATAG ATGTCAACAT GTTCTTCGA CACCTACAAA AGATGCACAA 110

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1357:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 133 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1357:

TAATGGTGGG GTATATTTAT ATTAGTACCG AATTTTAGGn GCCTCACTAT CATTTATCAA 60  
 ATTATTTAAA GTGGGATCCT ATCGCAATCA ATTGGCAGGG GCAGAATAAT GGCATTAGTC 120  
 GTTGAAGATA TCG 133

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1358:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1358:

GTGTCGGTAA GTCCACTTTC TTAAATCATT ATCGTCCAGA ACTTAATCTT GAGACAAATG 60  
 ATATATCAAA ATCATTAAT CGAGGAAAGC AACTACAAG ACATGTCGAA CTATTCGAAC 120  
 GTCAAAACGG TTATATTGCA GACACACCTG GATTCAGTGC TTAGATTTT GATCATATAG 180  
 ATAAAGATGA AATAAAAGAT TATTTCTTG AATTAAATCG ATATGGTGAA CATGTAAGTT 240  
 TAGGAATTGT AATCATATCA AAGAACCCTAA TTGTAATGTT AAGCATCAAT TAGAGATAGG 300  
 GAATATTGCG CAATTTAGAT ACGACCATTA TTTACAATA TTTAATGAAA TTTCCAAATA 360

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1359:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 392 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1359:

CTGTTTTAGT CTTATTGATT GCCTGACCAT TAACTAAGTA ATTTGTGTTT GAAGCGGTTA 60  
 ATTGAGCAAT GATTGGAATG TCGTATTTCT TTCTCGTTTCG TGAAATGACA TTTGTTAAC 120  
 CTTCTAGGTC GTAATACGTT TCGAAAAGTA GCGCGTCAAC GCCTTCTTCA ATTAAGGTGT 180  
 CTATTTGAAT TCASTATGAT AAAGAATAGT TTGTAAGCTG ATATCCCCCT GTTTGGATAC 240  
 CTCTAAACCC CACCAACTGG GGGCCAATAT ATACGTAAnC TnTAATTGGC nGGCTTTTTT 300  
 GCGATGCGAC GGGGGGCTGG AGGATGCTTA ACCTTAACCT CCAGACCGAA CCGTTTAACC 360  
 TTTCAAAAT TGCACCATAG GAATGGGTGG AT 392

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1360:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 160 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1360:

CCATGGTTAT TTTCTTCACA TTTCATGTAT ATATATTTGT TTATTATCTG TCTCTACTAG 60  
 ACTGTAACCT CCAACATATC TGTTTTATAA ACCAGAGAGC AGTCATTCAA TAAATAAACA 120  
 GATCTGAGGG CCAACTGGCA TGTTGTCAAC TTATGATATT 160

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1361:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 148 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1361:

GTATCCTAAA GATTCAGTTA ATCGGAGCGT TGTATTGCAT GAAGGTACAT TCGGGAATGC 60

ATATTTATTC ACGATnTTAT TTAGCGAC

148

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1362:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 147 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1362:

AAAATTACTA TGAAGATTGC ATTAGGATGC GACCATATTG TTACAGATAC AAAAATGCGT 60  
 GTATCTGAAT TTTTAAATC AAAAGGACAT GAAGTCATTG ACTGACACTT CACTCATnAG 120  
 TGGCGACAGT GTACGTATCA GACTTAG 147

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1363:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 108 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1363:

CTGGCAAAGA AGACAACAAC AAGCTGGTAA AGAAGCAACA ACAAGCCTGG TAAAGAGACA 60  
 ACAACAAnCT GGCAAAGAAG ACGGCAACAA GCTGGTAAAG AAGCAACA 108

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1364:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 153 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1364:

GACAAATGTTG CTGTAATGGG GAAGGnAATG GGTGTTGACC GCGAATTGAA TAATTTAAAA 60  
 CCGTAATATA TAATCGTAAT TGTTAAGCCC TCATTTTTAT AAATTTTGA CCTCTTGAAA 120  
 AAGTTACGTT TTCAAGAGGT TTTATTTATC CTA 153

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1365:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 184 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1365:

TAAGAGAATT ATATGCATT	CAAACGAAAC	naacagaaaa	ACGGACCAAA	CTAACTGTCA	60
CAAGTACAAT CGCTGTACTA	CTGCAAAACA	CGCAAAACGA	ACACTTACGT	ACACACAAAA	120
AGACCACCAT TCACGTCGGG	ATTATTAAAA	AGGTAGTCTC	GTACATTTAT	TAAACTACTT	180
ACGT					184

15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1366:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 452 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1366:

25

ACATTAGATG GGTCAATCAT	GTTATACACG	GTGATTTAGG	GGAGTCAATC	AAATATAAAA	60
GGCCGGTAAT TGATGTTATT	GAGGAAAGAA	TTCCAAATAC	AATATTACTC	GGTGCTATGT	120
CATTAATTAT TACTTATATT	ATCTCATTTG	CTTTAGGAAT	AACGTCAGGT	AGATATTCTT	180
ACAGTTTGAC GGATTATACT	GTGCAAATAT	TTAATTATTT	GATGTTAGCC	ATTCCATCTT	240
TTATTGCGGG AGTATTTGCA	ATTTnTATTT	TTTCTTTTGA	ATTACAATGG	TTCCCGTTTC	300
AAGGTTCTGT TGATATTAAC	CTTAAAGAAG	GTACTTTTGA	ATATtATATG	AGTAAATAT	360
ATCACACATT TTTACCTGCA	TTCACTTTAG	GTTTATTATC	TACTGCTGGT	TATAwTCAAT	420
ATTTACGTAA TGaTATTATT	GAAAATTCTA	AA			452

40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1367:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1367:

TTGTGAGTAA TTGGACAATA	TAAGTGTGG	TCTTGGATGG	CATATCCTTG	GTACGACCTG	60
GGCAACTTGC TTCATAGCGC	AGTTAGGAAC	TGATCAATCA	TTGGCGTTTT	GATACCTAGC	120

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1368:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 126 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1368:

TGGTGCAAAT TAAAACGGTT GCATATGCAC GTACGACGTA TTGCTAAATA CAATCAATTA 60  
 TTACGTATCG AAGATGAATT ATTTGAAACG CTAAATATGA CGGTATCAAA TCATTCTATn 120  
 ACTTAG 126

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1369:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 160 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1369:

TGnAAAGTTC ATCAGGGAGC CATTTTTACA ACACAGGGCA CATACGGGTT GTGTTTAGGT 60  
 GCAATTGCCC CAAGCGGACA AAGCATTATT TAAAGTTTCA AGTTCTTCAA CGATTTATTA 120  
 GTGCACAGGA TCCTGTTAAG AGGTATTTTG AAGACTTCCG 160

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1370:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1370:

AGTAATTCTG CAAATGCCGC AGATAGCnGT ACTTTGAATT ATGAGGTTTA CAAATACAAT 60  
 ACCAATGACA CGTCAATTGC TAATGACTAT TTTAATAAAC CGGCAAAGTA CATTAGAAA 120  
 AATGGTAAAT TGTATGTTCA AATAACTGTC AACCACAGTC ATTGGATTAC TGGAAATGAGT 180  
 ATCGAAGGAC ATAAAGAAAA TATTATTAGT AAAAACACTG CCAAAGATGA ACGCACTTCT 240  
 GAATTTGAAG TAAGTAAGTT GAACGGTAAA ATAGATGGAA AAATTGACGT TTATATCGAT 300

AATGGACCA<sub>n</sub> CTGATGTAGC AGGTGCTAAT GCACCAGGTA

400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1371:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 345 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1371:

CATCAAGAAC ATGTGAGACC ACAATTTGAA TCACTTGAAA AAATAAATAA AGACATTGTT	60
GGATGGATAA AATTATCAGG AACATCATTAA AATTATCCAG TACTACAAGG TAAGACAAAT	120
CACGATTATT TAAATTTAGA TTTTGAGCGA GAACATCGAC GTAAAGGTAG TATTTT <sub>y</sub> ATG	180
GATTTTAGAA ATGAATTGAA GAATTT <sub>n</sub> AAT CATAATACTA TTTTATACGG GCACCATGTC	240
GGTGATAATA CGATGTTTGA TGTGTTAGAA GATTATTTAA AGCAATCGTT TTATGAAAAA	300
CACAAGATAA TTGA <sub>n</sub> TTTGG CAATAAATAT GGTAATCTCC ATTGC	345

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1372:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 154 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1372:

TTGAAAAGCA GTTTGGATTT ATGCTCAAAC CATGGACGAC GGTTAGGTTT ATGAATGTTA	60
TTCCAAATAG GTTCATCTAT AAAA <sub>A</sub> CTAGT GGAAAGTGG AAAAA <sub>T</sub> nAGT GGACCTTCGA	120
TAATACGATG TATTTATCGT TAGAAGCAGT AATA	154

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1373:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 136 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1373:

GAGCCTAATT ATTCAAGCCA AATCGCATAT GAAATTGATA AAGAAGTTCA ACGAATCGTT	60
---	----

CTATACnAGA ACTATC

136

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1374:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 358 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1374:

ATCTTTAACA ATTAAAACCA TACTATCTTG AATCATCATC AAATTTAACG CATGTGCGTC 60  
 AAGTTGTTTC ACTTTAAAGA CTTCAATTATT AAGACCGACC TTAGACTGCT TTTTAAAAAT 120  
 AGGTACATTC GTAATCATAC CTATACTTTG ATTGTCTAAG TGTAATTTGT TTTGGTGATA 180  
 TCGATTATAA TCTTGTGCAG TAAAAGCTGT AATCATTACT GATTGTCTTG AAAATATCGC 240  
 GCCTTCATTA CCAATGAAGT CTATTGGaAT aTCATCACTA GCCTGTTTTA ACTTGTAATA 300  
 AGCACGATTC TnTTCTAAAG AAGCTCTAAA TAATGTCGTT TCATATACTT TGAAGTCT 358

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1375:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 122 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1375:

ATATTGTGTG CTAAATTTGC TTAAGTATGT TTTTGTGTTG nAAGTAAGCA TATGTTATTG 60  
 TCTTTTAAAT TGTTGTAAAA GTGCTGTTTT CATAGAATTA ATATCAGACA TCTTTATTAG 120  
 TA 122

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1376:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 467 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1376:

CATTTTCTTC GGTTCCTGTC TTTTATGCG TAGATTTATT TTCTTGTTCT TGTTATTAC 60

CGATAATTAC GATGGTAATA AGAAGTTTTT TCAAATATAA CGCCTCCATG TTAATGAAAA 180  
 GTAGTTGATA CGTGAAGCTA AATAATnAT TTCAATATTG CCATAATCAT TTTAAAAAAT 240  
 5 AAATATTAGA AAAGTAGGCG ATATTAATAT TTTCATTGTt TTTGTGTAC TTCAATTAGT 300  
 ATAACAAAAC TGTTATGTAT TTATAAATAT AATCATTAGT ATTTTATGG CTGAAAAAGT 360  
 TATAATAAAA GTGTAAGGAA TAAATATTT GTATGGAAAA GAGAGATAAT TATGAATAAA 420  
 10 ACCAGTAAAG TTTGTGTAGC AGCAACATTA GCATTGGGCA CACTGAT 467

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1377:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 128 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1377:

AGGTGTTAGA ATTTATTTTA AGTGTATAC GTGTCTTCCA GAAATTGTAA TGGCATTATA 60  
 25 TTTATnAAAG TGTGGCAGG TTATTTTCAG GTGTATTAGT TTAGGTATCA TTCGTAGTAT 120  
 GCTTGGGA 128

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1378:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1378:

GGACGCTAGA GGATCCCGGT CTGGAAAATA TCGTCCAGAA CTTAGAAATA TGAAAATATT 60  
 CCCAAGACCA ATCGATAATA TATTGCCAAT ATGGCGTGCT GTTGGTGGTC CACCTGCAAG 120  
 TGCTATTAAA GCGGGAAAAC AAGGTGTGCC AATGATGATT ACAACCCTTG GTGGCCCAGC 180  
 45 AATGAACTTT AAAGTTCTA TAKATGCTTA TCGTCAAKCG GCAACTGAaG CAGGTTTCGA 240  
 TGCTTCGCCT AAGTCTTTAC CAGTAAGTAC AGCGAGTCTG TTTTATACAG CTGAAACAAC 300  
 TCAGGATGCT ATGAGAGAAT TTTATCCACA TTTGAATACA GGGATGTCAT TTATTCGTGG 360  
 50 TnGTTGGTTA TCCGAAACAG CAATnGCTAA TTCGTCAGTT 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1379:

(A) LENGTH: 108 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1379:

10 AACTACAACA ATTTAACGAC CAACCTTAAA AnaAATACGCT CTTATGCATT GGATTAGTCC 60  
 TGATTATACA ATTTAACTGA ACAAATACCC ATCATTTAAA AGACTTAG 108

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1380:

15

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 118 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1380:

25 AAGTGGGGGG AATCAGTATG TTACATTTAC ATATATTAAG TATTAGCGAT TATTTTATTT 60  
 ATCGCTACAT ACTTAACCAT TTCAAAAATT CAAGGCGGnT CACCATTTTC CAACCCGT 118

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1381:

30

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 114 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1381:

TCATGAAAAC ATTTATTTTA AAATTTGATA TTTGTTCAAT AATATTCGAA ATTAACThT 60  
 40 GTGTATAGAT TTTCTTTATA TCCTGAGAGA CATGTACTAT AATGTTTGTG AATA 114

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1382:

45

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 165 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1382:

CGGTATTGAT CATATAAATA GTGTTTAGAT GCTATAGTCG GntGACTTAA GTAATTTAAA 60

55

GTTTTCTTCT GCCTTGCTTA AAGATATATG ACAGGGTGCT GGCAT

165

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1383:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 111 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1383:

TTTGGTGTGA TGGAGTATAT TTAGGTGTGG AAATCAAGAG GGAATTCCAT TTTCAAACAT 60  
 CCAATTAGAG TCGnAATAAG AACTCGCTAT CGGTCCAATT AACTGATTCA G 111

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1384:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1384:

CATTTAAATA ACGTTGTGAC CATGTGCTTT ATGCTATGTG CTAGAAAATC CATGTTTTTA 60  
 TCTAATTTCT TAATAAATTG ACATTAAAGT GGATTCTTGT CnCTTCACG TTTCGACATT 120  
 GGATGACTGA ACGCATGAAA TCAG 144

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1385:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 103 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1385:

TCGTTGTGCA GCAACTGCAT TACGCTGTCT CATTAATGTA AGCGCAATGG CCATTTGGTT 60  
 TTTCnATAGT GGAATACTTG TCAAAATTGA ACATTGTATC TTC 103

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1386:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 533 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1386:

5 CCAGnACAAA TACAACGTTA TATTCAACAA TTAGAAGACT TAGnATAGAT ATAAATTGAG 60  
 GGAGGACATC GATATGGCAT TTGAAGGGTT ATCAGAAACC TTGCAAGCGA CGATGCAAAA 120  
 AATGCGTGGT AAGGGTAAAC TTA CTGAAGC TGATATAAAG ATAATGATGC GTGAAGTAAG 180  
 10 ATTAGCGTTA CTTGAGGCTG nACGTAACT TTAAAGTGGT AAAAGAATTT ATTAAAACAG 240  
 TATCAGAACG CGCATTAGGT TCCGATGTAA TGCAATCATT AACACCAGGG CAACAAGTTA 300  
 TTAAATAGT TCAAGATGAA TTAACGCAGT TGATGGGTGG AGAAAATACG TCGATTAAAnA 360  
 15 TGTCAAATAA ACCACCTACT GTTGTATGA TGGTTGGTTT ACAAGGTGCT GGTAAAACAA 420  
 CAACTGCAGG TAAATTAGCA TTATTGATGC GTAAAAATA CAACAAnAAA CCTATGTnAG 480  
 TTGCAGCAGA TATTTATCGT CCAGCAGCGA TAAATCAATT ACAAACAGTA GGG 533  
 20

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1387:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 112 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1387:

30 TTATTTACAA GCCATTAATA TATTTTAGGT TTGTTCTGCA TCGATTCATT GGTGCTATTT 60  
 TATTTACATT CAATAATGAG ACTTTTACAn CAAACCAATT GGTCAAATAT AG 112  
 35

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1388:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40 (A) LENGTH: 118 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1388:

45 ACACCTACAG TTAATAGTAT CAGTGCACAC TAAAGTCCTA ATACTTTCAA CCATGACTAA 60  
 TGATGTATCn TCTTGCCCAA CGAACGCGTT GTGCCAAATT GAATTAGACT GGACGGAC 118  
 50

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1389:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

55 (A) LENGTH: 147 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1389:

CGACGACACA ACTTTATAAT AAAATCTTAG ACAATAACGA AGGGTATTAA CAGAACTTGG 60  
TGCTGTTAAT GCAAGTACTG GAAAATATAC TGGTCGTCGC TAAAGCAAAT TTTTGCTCTG 120  
ACCTnCAATG GTACTTGTTG GGGGAATA 147

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1390:

15

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 161 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1390:

TTTTTGATCA TGATTTTTGG GCATGGATCA ATCACTTGCT TGGCCAATGG TCTTTCAACA 60  
ATTTGGATAT CTGACCTTAT TCGCTTTATC TAGCACTTTT GnCAATTTGT TGGCATTGGA 120  
AAACATGTGT TTAGATTTTT GTATGCCTCT CGCAGGCTTT T 161

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1391:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 102 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1391:

GCCGCACGCG CGCGATTCTC GGCCTAATAA GAAAACAAAT AATTCCAATT CATATATGnA 60  
CATTTTTGCC TCCTTATTTT TTGAAAATGT GGAATTGGAA TT 102

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1392:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 412 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1392:

AAAATGCTAT TAACAACGTA TTAAATAATC AAGATTACCA TGGTATTAAA GATAAACCAT 120  
 TCGCATTATT CGTAACTGGA TTTTTCGACA ATGTAACAGA TAATACTGTT GGTATTAACT 180  
 5 TTAAGACAAA AGACGGTTCA ATAGCAGTAT TTATGCGTCC AGATATTGGA GAAACATTTA 240  
 GCGAGTTTAG AACATTCTTA GCCGTCTTGT TAATGTTGTT ATTATTTATC TCGATTTCAT 300  
 TAGTTATCGC ATCAnCCTAT TCAATCATTC GTCCAGTAAA AAAGTTAAAG CTAGCGACCG 360  
 10 AACGCTTAAT TGATGGTGAT TTTGAAACAC CTATCAAACA AACnCGCAAA GA 412

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1393:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 186 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1393:

AGCAAnTGGA TTGCAATGAG TTTCTTATAT TTACAAGGTG GTAGATTGAT TGATGTTTTA 60  
 25 ACTGCGATAT TAGCAGTAGT CTAGATACCT AGTCACTGAG ATTTTAGATC GAGTTACACG 120  
 CACATTATCC GATCTGTCTA TATGGATATC CGTATGACTA CCTATCCCAC GGACTGCACA 180  
 TACTGG 186

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1394:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 118 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1394:

TCTTTAAAAG AATCAGGAGC TTGGAAGAAG TATATCAGGA TCATTAAGTC AACAAATTAC 60  
 45 GCGATATGAA AATTGAATA ACAATTTGnA AAAGCATGCT TCCGATAATC AGCAAGCC 118

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1395:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 175 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

GGTTACCTCG GATGGATGAT TACTATTTTG GGCTGGGCGC CGGCTTTnGT TATTAGTGGT 60  
 GGCAATAGTG GCAAAGTGTC ACAAAAAAAT CCAATAGCTG GAAACCCGGG TATATTTGGG 120  
 5 TATTAACGCC GGTGGCCGGG ATTTGGCCAA TCGCATTAAAT TTAATGGCCA TTGGG 175

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1396:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 132 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1396:

AGAAACTTAG ACGATTAGTA TCATATATTA GAACACnGCA CCGAACTTGA AATCATGGCT 60  
 20 GATATCGCAC CTTGAAGAAG CAAAAATGCC GCACGACTTG GCTTTGATAT ATTGGCACGA 120  
 CTTACATGGC AT 132

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1397:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1397:

AGAGGTCCGG CTATCTATCA AATAAAGTGG TCATTTAAAG CGTACACTTC GGGTGCGTTG 60  
 ATTTCTTACT TTAGGTGTAG GACAATTGTA TCGCATCTAT CTTTACnCTA CCTGCATTGT 120  
 T 121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1398:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 202 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1398:

CGTTCGTATA ATCTCACTTG CATCnTGAAT TGAACAACAT CCTGTCATTT TAAGACTGCT 60  
 AAAnGTACAG CTGAAAACCA AGTAAGTCCG TTTCGTCTGG CTGTGAAATG GATCAAGGAG 120

AAACACCTCA TCCAAAGTTC AG

202

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1399:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 165 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1399:

CGTTGGATCA CTGATGCATT CATAAATGGG TGAACnTAAT GTAATGTTAA ATCTATCACA 60  
 GCGCGATAAC AGCAAGAATA TAGTGAACAC CATAAATTGA GCATATCAAT GCCATATTCA 120  
 TGGATACACA TAGTTCACCT GGTGGTCGGT GAAAGCCTGT AGATG 165

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1400:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 107 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1400:

ACACCTTTGT TTTTGCAAAG CTGTACCACA AAGTACTGGG TAGAATTCTA CGTTATATGA 60  
 GnCTTGCGCT ATAGCTTCTT TTAATTCATA AACTGTAAAT TTCTTCG 107

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1401:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 106 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1401:

TTTTGTCTAG nAACATCTGC TTCTAATAAT GATCGATCAG CAGCCATTGT GCTTAATCTT 60  
 TCATCCCACA TCACAATCTC AATAGAAGGA TAAGCTTCTA ATAATT 106

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1402:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 102 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1402:

CAATGTTAAA CCTACACCGT TAACAGCACA CATGATACTA AATTGTTGGG GTGTCATATT 60  
 5 ATACAATGTT GAGTAAATAA TGGCGATGCA GATGAATAAC TA 102

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1403:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 169 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1403:

TTTATTATTT GTGCTACAAC TACTTAAAAA AATCAGTAGA TATAGCATT A ACATATTTT 60  
 20 CATCCCCyTG AATTTTAAAA ACTTTTTC AA AAGCAACACC TCTAAAAATA AATaCAATAT 120  
 ATTATAGCAA ATAGAAATTA TTATTTTGTT AAATTATGTT GTnCATGTT 169

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1404:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 106 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1404:

TTAGTTGATA AGTAAATCCG AGTGACATTG GGATTCACCC CAACCGACTC TATTCCAGTC 60  
 35 TGAAATACGT GAACCCATAA nATCCTATGT CCAGATTTAT ATTCT 106

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 309 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1405:

TATTTTTGCA GCAGAGATGT TCGCGACAAG GTTTACGCCA AATTGTCACT GCTACTGCGA 60  
 50 TGTGTATTGC ATGCAAGTGC AGGnAATATA TTGAACATTT AAACGATCAG TTTAATTCGA 120

CTTTAATAAG CAATTTGTAC TGACTGTCGA CATTGCGTCA TGGTCTGTTT TTGTTTAACT 240  
 ATACTATnGG TGC GAAGTAG GCCTATGTTT AGAGGTCTAA CATGCCGTAG GTCTAATGGA 300  
 5 TCAGGAACC 309

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1406:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1406:

GTGGACCTGC AGTTAATTCA ACGATTTCAA GATGGGCGCC AAGAACGAAA CGTGGCCGAT 60  
 20 ACTTAGGATT CTGGAATCAT CACATAATCG TGTGCATGAG GTGTTTCACT TTGGGGTCTA 120  
 ATGATTCTTC ATGGAAnGTA TAGG 144

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1407:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 115 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1407:

ACCTTTGCGT CCAGAATTAG CTACATGGTA AAGCTTCGTG TTA CTATTTT AGGGATATCT 60  
 35 TCAACnCGTT TCACTTGAT AATTTGTTTT TGTAATTGGT GAAGTCATAG TATAG 115

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1408:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 115 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1408:

ATTGGTATTG GCGCTGTAGT ATAGCTTCAT TATCTGATGC CATTAGTATA CGCACACTnT 60  
 50 TTATTTATGG GCGTGGTATT CATCCTTATC GGGATCAATT ATTGGGTTAC ATTTT 115

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1409:

(A) LENGTH: 123 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1409:

10 AACCAGATGa AAAGCAAATA TACATATATA ACTCTACATG GGGTCGTGGT TTGGATATTG 60  
 TTCATGATGC ATTCGGTATG CCAATGACAA AGCAATATAA AGATAAATTn CAAGAAGATA 120  
 AAA 123

15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1410:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 120 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1410:

25

CnTTTATAT TGAGGATTTT GTATCATATA TGGATAATCA TTAAAGGTGT ATGCTCTTGT 60  
 TATCAGATCG CTACGGGTAA AATCGCTTCT ATAGGGCATT TACATGCGGG CTTCTGCCGG 120

30

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1411:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 455 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1411:

40

TCTCGTATTG CGTTTAGAGA ACATGCGCAC AAAGGACAAA TTCCAGGTGT TAAAAAATCA 60  
 AGTTGGTAAA ATCAAATTC GTACTTTAGC CCATTTACAA TATCAATAAA ACAATGTACA 120  
 GTATATACGA ATGCTATAAA CTGAATGTTT TCTCATATTA ATAAGGAAAC ATTCGGTTTT 180  
 TAATTTGCAT TAAAAAATAA TTAGTTTTTA AAGGGGCTAT TTAAAGTGAA AATATTTGAT 240  
 TACGAAGATA TTCAATTAAT ACCTAATAAA TGCATAGTTG AAAGTAGGTC TGAATGTGAT 300  
 ACAACTATCC AATTTGGTCC GAAAAAATTC AAGCTACCTG TAGTTCCTGC GnATATGCAA 360  
 ACAGTTATGA ATGAGAAATT AGCGAAATGG TTTGCTGAAA ATGATTACTT TTATAATCAT 420  
 GCATCGTTTT GATGAAGAAG CAAGAATACC TnTTA 455

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 118 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1412:

ACAAATGTCAA ATCACAATAG CTGTTGTAGG CATTGTGATTA CAATGAACTA AAGGCAAAAT 60  
 TGGAGCAGTT ATCCATGAAT GATTAATAAC AACAnAAAAGT ATGGGGTCAA GTTTAGGG 118

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1413:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 245 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1413:

TGTTGACGAT ATAGGAATTA GCAAGAAATA GGCTAAGATA GTTTCGCACA ACTTGGGGCC 60  
 CAnCCACTTG CTTGTTTGTA GAATTAGGGG TCCATTCTC GTGTTGGGGC CCGAACTAAT 120  
 AGTATGAATA TATATATCTA ATATTAAAAC GGCAATATTT ATATGGTATA CATTTTTATA 180  
 TTTAGTnTTT GTATAGACAT GCTAATTAGC ACTTTCTAAA AAGGGTTGAA ATGATATACT 240  
 GATGA 245

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1414:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 252 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1414:

TTTTTGTTAT TCAAAATTTA GAGTGTGTTA TATGATAACG GTTTTTTCAT AGCGACTTGA 60  
 TCATTTTTTCG AAATGATGAA AGATATGCAA GTTCAATCAA TCGGAACAAA AATACTATAT 120  
 TATGGTAAGA AnTTCCCGAA GACTAGCGCA CTCACACACA AGTGCATCCT CGCGAACAAT 180  
 GCGCACTTTT CACAAGCACA CAAACACAAG GCACAAGTGC ACGCAnTATT AGACAATGGT 240  
 CTACCTACCA GA 252

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 112 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1415:

ATCTGCTGGA AGAGAAAAAA GACGCTCTTA AAAGTGGCTT TAGAAGGTCA AGATATAGAA 60  
 GntATTAAAT CTAAAAAAGA AGGAAGTGA AAAAGTGATT CCAGGAATTT TC 112

- (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1416:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 124 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1416:

CTCAATTACA TTCAAGAAAA TGGGTGGAAT TACACAACGT TGGACTGAGA AGTATAGTTA 60  
 ATAGCGCAAA TGcATAAGC CTTATATAAA AATGGGCACA ATTATTTTCAT GTACCAACAA 120  
 GAAC 124

- (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1417:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1417:

TTCAAGAGCA CATACTGTAA CTCGTACGAG AATTTTTTCA AAATGACGCG TCAATCTCAA 60  
 TATCATCATA TGGTATTCCG AGTAATACCC CTCGnCACCT TTTTtaggTA GCGTCAATAT 120  
 T 121

- (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1418:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 123 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1418:

CTACGCCATC AAGAGGGTGT TAGTGCTATT AACTATTGCG GCGAGAGCAA TTAGTCGAAT 60  
 5 GCAAATTAGG ACAAGTTGAT GAGTAACTAC nGCCAATATC GGTAAGTTTC ATGGCGGTTC 120  
 AGC 123

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1419:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 109 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1419:

CTTATAATCC TTACnGCAAT TTCACCTTGT ACGGAATTAA ACAACGGAGG CATTTACTTA 60  
 20 CCCCCTTTAC TTAATACGTA CCAAACTTG GTCGTATTCA ACCATTGGG 109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1420:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1420:

GCTGTnGTGC TGCCAAGATG CTGATTGAAA AGTATATATG ATTGCATCAG TAGAAGAGCG 60  
 35 AGCAGAAAGA AGATATAAAG ATAATCAGTT AAGAGGTGTC GAATCAAATT TTGAAGATTT 120  
 A 121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1421:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 128 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1421:

TGTTTTTACA GTCACATACA CTAGGCATCC TAGCATTATC TAAATTTAAT ACCATCGCAA 60  
 CTTGCGCTTT AATCTTCAAG GCCAATTAAA CCTCCTTCAT CTTTCTAACT GCTTAnATAT 120

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1422:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 110 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1422:

GCCAATCATT GTCAATGTTT AGGCATCANA TTTATCGAAT GATTTTCATT TGCCATGATC 60  
 AGTCAAGGCG GGGATTTATT CAAAAATTAT GACGCCTAGT AAAAAATTTT 110

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1423:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 111 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1423:

ATTACCTTGC ATGAATTTC ATCTGTCAAA TGTGCGCCTT CACGAATTTG TTCGATAAAG 60  
 ATACGTTGGT CACCGTGAAT AATTTACCA GCTGCATTTn TCCATGGACC A 111

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1424:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 200 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1424:

TGTTGTGTGA TTGCGTATTC TCAGGTGAAT TCTTACATAT ATAGTACTTT TTGTTTCCGC 60  
 TTGATTTGAC CTTGCATATC TTTCACATTC TTCGAAAATT GATCAAAGCh CTATTGAAAA 120  
 ACCGTATCAT ATACAnACCT CTAATTTTTT TGAATAACAA AAAGAATTCT TTGACGTATC 180  
 AACTATATCA TCATGACTTC 200

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1425:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 119 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1425:

5 TTTCTATAAT TTTAGACTAT TTCTACCATG TTGCTGAACA ATTTACTTAG ATAAAAATTA 60  
TnAAATTTTG GTCAATTAAC AAAGTTAGTT TGTtAAAACG TATACTTTAA TTATTCCGG 119

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1426:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 116 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1426:

20 AAAATGGCGT TGCATTTTAC TCTAATAACG CTCAAGGCGA CGGCAAAGAT AAActAAAGG 60  
CACCTATTAT CGAACATAGT ACTCCTAnCG GACCTGGAAT TTAAATCAGA GCGGCC 116

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1427:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 212 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1427:

35 TTTTATTTAC GTATAAGTGG GCGTTAGGTG TCACAGCGGT TGTCGATCAA AATATCATCA 60  
TCAATCTTGT ATATGGGTTT GCGGATTCTT ATTTTATGAT TTTACAGAAC TATCCTAGGC 120  
TTATTCTTTA TTAAAAGATG CAACnAGTTA TATAAAAAGA CGAATCTATC AACGCGAGCT 180  
40 GCTCACAAGG CATCTCnTAT AGCGTCCACA TC 212

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1428:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 265 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1428:

GAAAAATTGG TTCTGAATAT AATGGTGCCG TATACTTTAC GCCTCAAATC AAAGATTTTA 60

ATTTTAATGA AAAACATCGG TCGAATATAA CATAAAAAAA CGTCTATATC AAAAGCATCA 180  
 TGAATAAACA GAGGAGCACA AAAATGAnTA AAAATATAAT CATCAAAAGT ATTGCGGCAT 240  
 5 TGACGnTTTT AACATCAATA ACTGG 265

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1429:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 10 (A) LENGTH: 145 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1429:

CGTACGAAGG ATTTGCAAAC TTCTTCATTC AACAAGCTAA AGAAGAACGT TTCCATGGAC 60  
 20 AAAAGATTTA TAACTATATT AACGACAGAG GTGCACATGC AGAATTCAGA GCAGTTTCAG 120  
 CACCAAAAAT TGACTTTTCA AGCAT 145

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1430:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 115 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1430:

ACACCGCTAA GCGTATTAAG ACAGGATCTG AAAATGGACA CATCGCAATC GAATTATTGC 60  
 AATGCCAAGT CATATCGGGG GTGAACCGCA ATTCAGGnA TTAAGTGGAT AGGTA 115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1431:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 40 (A) LENGTH: 211 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1431:

nATGTATTnG TGAAAAGGTC CTGAGTGGAC AAAAGACCTA AATATTTAAT GGTGATTAT 60  
 50 CGCACGTCCA TAGTTGGTGA ACAGGAACCT ACACGTACAT CTAATCGCAG ACTATGCGTA 120  
 AACTTTGGAA ACTGCTAGTC ATTGAAGCGT GGTATGTGTA TGCACGTAAA TATGCATTAG 180

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1432:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 145 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1432:

GGAATGATTG ATAAATTGGA CTA CT TAAAG ATTTCGGTAT CGTGTCATTT GGCTCAGTCC 60  
 ATGTTTAATC ACCTATGnTG ACATGGTATG ATATTAGTGA CTACCAGAGA TATGGATGAT 120  
 TTGGAACGTG GAGGACTTGA TCGTT 145

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1433:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 169 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1433:

TTTATTGCAT TTACATAATA ATATCCTTTT GTTGT TTTGG TATTTCTATT CATATACAAG 60  
 ACCATACCTT TAAC TTTTCAG AGCTTCCCCC TTATTTTGAG TTGCCATTTC AGAACCAATA 120  
 ATCCATGTAC CTTTATCATT TTTATCAAAT TCGTCATCAC GATAACCTn 169

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1434:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 102 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1434:

GATCTATAGT TCTGTAATCT GACGTGCTTT GCCATGTGCA CCACTCGTCn TAAAAATCAC 60  
 TTACACTTAA CCCTTTTCCA CCTTTATCGT ATCCACCTTC AA 102

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1435:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 116 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1435:

5 TTCTTATTAT ACAAATAGAA GCCATGTGTG CTTATATCGC AGCATCATGA CTCCTTTTTC 60  
 ATTTGAATAT ATAAATAATA CAGnCGCTTT CGAATAAATT TAGGCTAATT CTACCA 116

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1436:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1436:

20 GGGGGTTTAT GTACTGGTGG ATCTGCAAAC TACTTGCGCT AAAGAATATA CAGATATGGT 60  
 AAnGAAAAGT TTAGATTCAC ACGCCATCAC AATGGATTAG AAAAACCgAA TTTCTTCAGC 120  
 AATTCTACAA TTTCTAGTAT ACGC 144

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1437:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 101 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1437:

35 GTTGCTGGGn AACCTATGGT CGAACATGTA TTGGTAAAGT GTGAAAGGCT CTGGTGCGCA 60  
 TCAAGTTGGT AACCATCGTA GTACATGGTG CTGTAAATGT A 101

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1438:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 321 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1438:

50 AAAGATGGTG ACATTTTATA TAATCCGAAT GTGCCAAGTT ATTCAGCAAA GTATCAATTA 60  
 AGTAATGATG ACTACAATGT GAAGCAACTT AGAAAGAGGT ATGATATACC AACTAnGAAA 120

AATTTAGAGT TTACATTTAT AGAAAATAAA GAAGAAAACA TCTATTTTAC GGATAGTATT 240  
 AATTTCAAAC CTACTGAATA GGGTTAATAG AAGTTTGAAA TGAAAATTC nTAAAGTGTG 300  
 5 CAAAATAATT TGTCGCTTTA G 321

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1439:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1439:

CAGTTGTAAT GGGACCTGGG CCAATCGGAT TACTTGTAGC ACAAGTGTTA AAAAGTAAAG 60  
 20 GCGCAACTGT TGTGGGTACT GGGTTGGGAC AATTGACCAA GTCAGATTAG ATTAAAGCCA 120  
 GAAAGCCATT GCCAC 135

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1440:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 110 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1440:

AAATTATTTT GAACACTTTA TGAAATTTT ATTTCAACT TCTATTAACC CTATTCAGTA 60  
 35 GGTTTGAAAT TAATACTATC AGAAAAATAC ACATTTnCTT CTTTATTCT 110

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1441:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 436 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1441:

TCTCTTTTGG ATTCATTAAG ATTGChGCAT CGATACCAAC GTTmAACGGT GATTGTGTAA 60  
 50 TGAATTTTGG CCACCAAGCT TTTTAAACAT TATTCTTTAA TTCAACACCT AAAGGACCAT 120  
 AATCCCATGT GTTTGATAAA CCACCGTAAA TATCACTACC AGGGAACACA AAACCTCTGT 180

GAAAACGCCC CATGGAAAAT AACAGCATAG TAAATATGCT TTACTTCCAT GGGACGAGTT 300  
 AATATTTTAA ATTGTATATA ATACAAAAnA AGTnACGTAT TTAACCCGCG GTTCCACCCA 360  
 AATTAGTGTA GTCACCTCGCT TTTATTTTAA AATGATTTCGT TGCGCCAATC TTATTGTTAA 420  
 GCTTACACTA TCCTTA 436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 461 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1442:

ATTTTITAGAA GCATACTGCG AACGTCATCA CATCGATTTA CATATCAAAA AGTTAGATTT 60  
 GTCGCATAGT CTCGACCGAA ATAACAGCAT TCAGAATGAA GCTCGAATTA AACGTTACGA 120  
 ATGGTTTGAT GAAATGATGA ATGTATTAGA AGCGGATGTA TTGCTAACGG CGCATCATTT 180  
 GGACGATCAA TTAGAAACTA TTATGTATCG TATTTTTAnT GGGAAATCAA CACGTAATAA 240  
 ACTAGGATTT GATGAGTTAT CGAAGCGAAA AGGTTATCAG ATTTATCGAC CACTTTTAGC 300  
 TGTCTCTAAA AAAGAAATAr AACAAITCCA AGAGAGATAT CATATTCCAT ATTTTGAAGA 360  
 TGAATCnAAT AAAGATAACA AATATGTTAG AAATGATATT CGTAAnAGAA TTATTCCAGC 420  
 TATTGATGAA AATAATCAAC TTAAAGTATC GCATTTATTA A 461

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 143 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1443:

AAAGGTGATA AAAAACAAAG GCATTGTAAA TTAATTGAAA ACCAAGTGAG TTATTACACG 60  
 ATTCTAATTG GGATAATGCG CGATATTTTA TTCCACACTT GTTACATTAT TGCTTTACGT 120  
 GGGGGTTAGC GTGGAnTCAT CAC 143

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1444:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 90 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1444:

TGGTGTGGT TCATCAGTTG TAAACGCGAT TGTCACAAGA CTTAGAAGTA TATGTACACA 60

10

GAAATGAGAC TATATATCAT CAAGCATATA 90

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1445:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15

(A) LENGTH: 218 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1445:

ATTGAACAGT GACAACAAAT GACAACAATG AATGACCAAC TGAGTTGCAG AATTGACCGA 60

25

CCTGACTTGC TGTnAGATGT GCATTGCCTG TGACCACTTA ACTGCTGTTT GTACATTATG 120

ATTGTGCACG TGAAGTCTTT GCAAATGACT TTTAACATTA TGCTGCTAGA GCCATCTTTT 180

AAAGATGTTT GGACTAACGT nCATGATGTG AATATCTG 218

30

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35

(A) LENGTH: 105 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1446:

TTTGACTTGA CATTATAGAA CACAAATTCA TTTGAACTA TGTTTTCAAA TTTATTTATT 60

GTTACTGGGA ATTTACATT ATTAGATTTA TTTATTTTCT TTTGA 105

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1447:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

50

(A) LENGTH: 104 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1447:

AGACTGAAAA CTGCATATGC AGAGGCGATG AAACAAAATG CCAT

104

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1448:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 104 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1448:

TTGAATTAAC TGAAGAAATA GCAGTGCAAG CAGGATTGTT GATATGACAA CATTGAGTC 60  
 AGAATGGCAA CAACAACGTG ATTCGTGCAC TCCAAGCACG TGCA 104

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1449:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 349 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1449:

TATTAATTTT TTTAATATG GAATATTCAT TGCATCGCTT TCCTATTCTT CAAGCCCCACT 60  
 TTTTATCTTC ATATACATTA ATTAACCACC KTCAAACATT GTCGTTAGAT TCGCCAAATT 120  
 GAATCTATTT TTAGCACAGC AAAAAACCGA ACTGCTGAAA TAATGCATCT CCAACAGTCC 180  
 GGTCTATTAA ACTATTTACT TATCTTTATT AAACAATTGA CATGATTTAT TAGAATAACC 240  
 CAATTGGCAT GACCATGCAT CAGTAACATC CATGTTTAAT GGCTGCTGGT TTTTtaggTA 300  
 AACCAGGCCA GAGTCATGGn TGGCACCTGn GCAACGChAC GATAAAGCC 349

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1450:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1450:

GATTTTATAT AAATATAGCT TTTCAACAAA ACAAATGATT GAATTTCTAG GAATTGAGTC 60  
 ATTAaaaaaa CACTTGAAAA ATTCAGGTGG GATTGCGCTA TGCCCGGAAT TTATTGTTGC 120

AGAAACAACA TTGaTAATTA ATCCTGAATC GAATAAGCAm GTACTTGAAT CTTTTGTAAA 240  
 AGATGTTTTT TTATAATTAT TGGTGAAAAC GTGTAGTTAT GGTGAAACTC AAAGATAATA 300  
 5 ATTTAAATGA GATGTTAATG AAAAAGTAAT TCAATATAnA ACAGGTGATT TAnATCTTAA 360  
 TAAGGnTAAT TCCAGGTGA ATTCCAATTG CGGGCATCAT 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1451:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 124 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1451:

20 TCGGTTATAG TTGCTATTCT CAATTATGTT CGCGATAATT TTAAGTAAAA GTAAGCACAG 60  
 ATATTGAATT TGATAGGAGT TAATTGATAT ATACATACGA ACTTTCATGG ATCACTTAAA 120  
 TTnG 124

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1452:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 126 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 30 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1452:

35 TGTATTAAAA ACCTTCCACC TTTAAAAGCA ACAATGCGGT GTCCTTTAAA TTCAAACATA 60  
 ACCATATACG AATTACTCGA TAATTCTGTG TGTTTAATTG ACAGATGTCG TGTGAATTGA 120  
 40 TnATTT 126

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1453:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 280 base pairs  
 45 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1453:

50 ACTTTGGCAA CATCTGGAAT ATCATATAAA TCAAGTAACT TACCTAACCG ATGATTAATA 60

CTAACAGTTG TTTCCATGCC TACACCTCAC GATATTATCA CTATTCATAT TAACATTATA 180  
 TGTAAAGAAAT TAAAATCTTT TGAAGCATTa AGATTACTTA TCATTTnTAA ATTTCAATTT 240  
 5 AAACCTAACAG TAATTTATGT AGCTTTTGnA ATTCTCATAA 280

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 242 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1454:

ATATTCITTTA AATTAAACTG ATCACTTGAA TAATTAACAT TACTTAATTC TATGGCATTG 60  
 20 ATGATGATTG CTCCTCATAA ATGAACGTTA AAATATCCTG CAGTTCCTCA AGTGACATTT 120  
 CGATGGCTTG CGCTTCATTA ACCAATTCTT TAACCAAATT TTCAATGGTA AAAAATTGTT 180  
 TCTCTTTTAA AATAGGAACT ATTCTTnGCT CCTTAACAAA GGnCCCTTTT CCTCTAATTG 240  
 25 TT 242

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1455:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 110 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1455:

ATAAAATTGC AGACTTAGAT TACTCTTGTT CAGCATTTTT AATGTATATC GGTATAGATA 60  
 40 TTGATGTGAC AGATCAAGTG AGACTTGCAT AntGGTATTT TATTCAGATG 110

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1456:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 551 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1456:

ACCAGTGGTT GCCTTTTTAA GTCCCGCGTG GGACAAAAAT TAACCTCTTT AACTTGCAA 60

AAAGCGCTTG CAATATATTT TCGATTGTt ATTCAACmAA ACGTTTTTATT tTATTCGCTG 180  
 TAGTCAAATG TATACCCTTA TACTGACTCG aTAATCATTT GCTTATnATT TGAGAcTAGG 240  
 5 ACATAAAATcA ATGCTCTAGA ATCCAAAAAG TCACATTAGT AGTAGTTAAC CGAACGAAAA 300  
 TGCACCTTGTA ACAAGCTTTT TTCAATTAAA GTCAGGGGCC CCAACATAGA GAATTTCGAA 360  
 ATGAAATTCT ACAGGCAATG CGAGTTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGCAAAAATA 420  
 10 TCATTTCTGT CCCACCTCAC TCAAAATAAA TTCACTATC CGTAAAATAA ACAACTAACT 480  
 ATTTAAGTAT CATCTCTCCC CTAATTAACA ATTATAAAAA TAAGAACCAA TATTCGAGAC 540  
 15 AACCTAATTA A 551

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1457:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 109 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1457:

ATCnGGGGCT GCATAAGCGA TATCAAGTGT GAGCATTGAA CGATTCAGGA CTGACCAGCA 60  
 30 CGCCGTTTGC CTGCTTTGAA AGATCCACCG ACAAATCCGC CAACATCGT 109

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1458:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 112 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1458:

ACCAGAGCCT CTTTGACTTC CTAAGTCGAA TAGCATCGTT GATATAGTTA AAGATGACGC 60  
 45 TAGATTTAGn AATCCAAACT CATAACACCT CCACCATTCC ATCACATCTG GA 112

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1459:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 224 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

CCCCAACCAA TTTTAA AAAA AAGGGGGCCT TTGGGGGGGC CAACCAAGGG GGAACCCCTT 60  
 AACCCCAATT TTGGCCAATT TTAAAGGGAA GGCCTTGGAA CCTTTTGGG AATGGGCCGG 120  
 5 TTTTAAACCC TTGGTTTCCG GAAGGGGAAA ATTTTAA AAAA AAACCGGAAT TGGTGGCCC 180  
 CCTTTAAATT AAAAAGTTCC CTnAAAAAnA AATTCCCCCA AGGG 224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1460:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1460:

20 TTTCGACAAT CAATTCGACG TCAGTGCCAC TCCATCTATA GTAAAGCGTT GATACTTTCA 60  
 ATAATAACTG GATCACTGTC TAATTATAAA TGGATTCTTA CATCCCACCA TAATAAATTn 120  
 CATATGTTCA TCACC 135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1461:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 114 base pairs  
 30 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1461:

35 TTATAGAACC TCGTACTCCT nTCGACACTT GAATTTAAAT CAGAGCCGCC AGTGGAGAAG 60  
 CATGAATTGA CTGGTACCAC TCGCAGAAAG TAATGATTCT AAGCCACTTG ATTA 114

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1462:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 105 base pairs  
 45 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1462:

50 GTTGAATTGT TGGTGATGTG GTTACACGAA TTTCGAATAA TTGTTCTTTA CGTCAAAACG 60  
 TATCGTTCCA AAGTAATCCC CnGGTAATAG TTACCAACAA GTTCA 105

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 162 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1463:

TTGTATGACT CTTCGGACTT TGGTAAAATT GTGAACGCTG GnTGAATGAT TTTTGTGTTGA 60  
 CAATTGGCCT TATCATCATT AATCGTATTT TTAAGCTGCT CGGATATAAG TTCTCAGCGA 120  
 GTTCTTTTTG ATGTATCATT AGTGTAGAAA ATAGCTGTTT GT 162

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1464:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 103 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1464:

TAAATTGGAA AGTCACATTC AAnATGCGAA AATGTTTAA AATGTCCTGT AGGTGCTTAA 60  
 TAGTTTTGCA TTTGCAAATT TTA CTGAACC GGTTTAAACG AAT 103

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1465:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 153 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1465:

AAATTGTATA ACTACCAAGC TTATATGAAA TGGTAAACAA AATATTATCA CTTGTTTGAT 60  
 AAGTAGCGTG GAAAATATTG TATCTTTCTA AATGTACACG TTAGAAnTCA TGCTTATGTA 120  
 TTACACGCGG GGCCTGGTA CCTAAGGGCC TAT 153

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1466:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 124 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1466:

TTTCAGTAAC ATATGAAAAC TTAATTAACG ATGTTTCAGTA GGTTTCATACA TTTTACTTTA 60  
 5 TGATGCTTAA TTGAATTACA nTTAAGATAT GACCAGCTAA AAAGAGTTAA TGTGATATTT 120  
 AACC 124

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1467:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 354 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1467:

AAGGAATTAA GTTTGCGACA CCAGCAAATA GTACTAATAA AGGAATATAT GGTAAGTCAA 60  
 TAATTGAATA ACCGATATAT AAGAATATAC CTAAAATAAC ACTGACAGTT ACTTGACCTT 120  
 GAATGTAAGA TTTTAATGTA AAGTTTAAAT CAGTTAATAA ATCTACGAAA AATACTTTAC 180  
 25 GTTCACCTTT GAnAAATTTA GCAACAGCTG GGATAAATTT TTCATGGTCT TTTAACATAT 240  
 AAATTAAGAA GAATGGAACC ATAATCAATA AGAAGATGGT TGAAATTAAT GATGTAATGT 300  
 30 ACTGTAATGA ATTAGATAAn ATATTAGnAA CGCCATCACC CATTGATTTA ACCA 354

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1468:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 120 base pairs  
 35 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1468:

TGCAAACTAG GAACAATAAT GTTAATATAA CTATGATGnA AGTTAAAAAA TAAAAAGGAA 60  
 45 CACTCTATAA TATGAATTAG GGTTTACAGT TTTTGTAGTA TTTTACAGTA TCAAAGTTTA 120

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1469:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 476 base pairs  
 50 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TCTAAATGCT GACTAAAACT AGCAACACGA GACTCATTAT TATTAGACAC GATTGTAATA 60  
 GTGATTTCCTT TTTCATTAGC TTCCTTAAAC CATGCTTTAA CACGTTCTGT AGGTTCTTTA 120  
 5 ACATCCCAAC CTACTAGCGT ATTATCTAAA TCTGTAATAA TACCTTTAAC GCCTTTGTCC 180  
 ACTAACTTGT CTAAATCAAT TTGAAATATT GATTGAACAT ATGAATTCGG CATAAAAAAC 240  
 TTGCGAACTA AACCCATTTA ACTCACCTTT ACCTTTTTTAT AATTGAGACA CTAATGCTTC 300  
 10 AACAGTTTGA CTTGATGATA CAGCTGCTTT TTCTAAAAAT GCTTCGAAGC TCATTTCCGC 360  
 TTCTCCATTT GCTAAGTCTG AAAGTGCACG AACTACAACA AATGGTACAT TAAATTGATA 420  
 15 ACATGTTTGT GCAATTGCAG TTGCTTCCAT TTCAACCGCC ATCGCATTG GAAATG 476

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1470:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 156 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1470:

CACCATACAT GGGTAAGGAT ACTACTCAAA TCAACTTGAA ACCAATAATn CATGACCATA 60  
 TGTGTGCCAA TGAATTCAAT TGGAAAGACA ATGATGAGAT ACTATTAAAA CGATTATATT 120  
 30 TATTGTCACT TGTTCAAACG CACTCCTTTT CCAAT 156

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1471:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1471:

AACAAAAGTT TTGAAAAGCC GGGTGCCAGC GAAAACCTAA AAAGCACTTT ATCAGAAAAA 60  
 45 GCTAAGAAAA AAGATTAAATA TTCATTCAAT AAATATAAAT CCAATTAAAT TTGTTGTTTA 120  
 AGGTCTACAA GTGTATGTTT AATATACAAT TCATCGTTTG ACGGTAAATC AGATACTTTG 180  
 AAATCTTGTC GCTCAACCTC TAGTAAATCG AAATCGCTAC CAGCTGAATT ATAGGTTTTA 240  
 50 AGTTCACCCT CTTCAATGAT TCTGTTTTCA AAGTCTTTAA TAACTATAAA TACTGGTTTA 300  
 CCGTTGTTAT TAAACAACTT GTCTCTTTTG TCTAATAAGC TTATACAATC CAAATTCATA 360

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1472:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 106 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1472:

CTAGGATTnC ATCTATTTGG GATGAAAATA AGCGTTTCCT GAATCCACAA GAATATCCAG 60  
 TCGATTTAAG CCAGGCATGT TGGGGTAATA ACATAACGTT TTTTGA 106

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1473:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 117 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1473:

TATCTTACCT ACATTGTTAT CTGATGGCTG TAATCATTAA ATCTATAACA CCGAGTTCTT 60  
 CCATTAATTT TCAGCTTCAT TCGACTGCCT TTTTATnTTT CGTACTATTA CGAATTT 117

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1474:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 164 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1474:

ATGCATGGCA CTGGAAnCAG CTGGGAGATA TAGGTAGTAT CCTAAAGAAG TTCAGTTAAT 60  
 CGGAGCGATT GTATTGCATG AAGGTAACAT TGC GGAGTGC CAACAGGCCA AGTAAAACTT 120  
 AACGGCAACC ATGCCTTATA TTAAATGCCC TTCCGGGAAA GGAC 164

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1475:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 210 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1475:

ACAGCAAGAC GTGACAAATC AGATACTATT AGTCATCAGC GTTAACATGT GGATAnGTGT 60  
 5 GAGGTACGAA TAnCCGAAAG GAAATACGAC CTTTAACATT CGCGCACAAA ATGAGCTCAG 120  
 GCGCCTGCCT TGCCCATTTT TTAAATTATT TCCCTGGAAA TGATTCGCTG TGTGCTGTTC 180  
 10 TGTCCACAAC AACACGATTA ATGCCATGAC 210

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1476:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 128 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1476:

AGGGTGATTT CACGGTTCGT CTGCCCATTT AATTGCGCAT TTTGCACACC ATCTACCGTT 60  
 TGCAATTTTG GTATTAATTG TTGCATGCAG TACTGTCCGT TGACTTTGnT GCAAGTGCAT 120  
 25 GCTCTTTC 128

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1477:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 641 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1477:

AAAATCTGGT AAAGTAACTA GAGTTTAATA AATATATTGC ACATAAAAAA TGTGACCTTA 60  
 40 TGTGGAGGAC ACATTTACTT AAGAACTAAG AGCTCAACCT CTTAGTTCTT TTTTGTGTTAC 120  
 CAAACAATAC ATAATGGTTC ATAGTGAAAT TCGAACTATC AATATAATTT GGTTAATACG 180  
 TTTAATAATG GTTCTCTGTC AAATTGGACT TATGGGTTCa ATATCGATTT TGGCACATAA 240  
 45 ATCAATGTAC TAGGACCTAC AATTTTCCTT TCAATAATAA ATCAGCCAT AATCTTCATT 300  
 AATTACAGCG TGATTCATCT ATTATTATGT TATAAAkCT ATCTATAAAC GTCACTTTAT 360  
 TAAATAACTC ATGCACTTTA TTAAAAATCC TCACAAATTT GAATATACTT AATTTAAATC 420  
 50 TGTACTTCTA ATTTGCAAAA TCAACCCATC ATGTACAGTT ACTTTCGCTT GCAAAGACTC 480  
 AATTTCAATTT GAAATAGTTA AAGTAGAACC TATATnAAGC ATTTGTCTAG CTAAATTATA 540

GATAACTCTT ATCTTTTCA ACTGTAGGTG ACCTTTAGGG C

641

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1478:

TTAACCGTGA TGCAGAGTAG TAAGTGGATn CATGCTCTGT TATGGATGAC AAGACAAAGC 60  
 AGCGAATATT GCGTACTGCG ATTGATGAGC AGATGCATAT GATTGGATTG GTGCAGCTGT 120  
 C 121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1479:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 133 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1479:

ACCATTGCTT AGATAAATAC CTCGCAGTGA ACCGCATTAG TATAGCACTT CTAGCTGATC 60  
 GCATCAGTAA AGTATGCTAT TAATGTCTCA GTTTTATCTG TAATGCATGT TTAAGTTAGT 120  
 CATAGCATT Tn 133

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1480:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 201 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1480:

TTTGGGGnT TTAAATTTT AAATTCCCGn TGGGGGAAAT TCCCTTAAAA ATTCCCAACC 60  
 CTTTAAAGGG GTGGGGGTTT TTTTAGGGAA AAAGGGGCCC GGGGTTAATG GTTCCCAAAA 120  
 AATTGGGGAA AATGGCCCC CAAATTTTAA ATTCCCGGTT TTAAATTTGG GGTGGGTAA 180  
 ATTGGAAAAA CCCCCAAATT T 201

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 112 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1481:

CAGTATCAAG CATAGTAAAA AATGAGGGTA GGA CTGAAAA TACGGCGTTA TTGGTGGTGC 60  
 ATTCACGGTA AATATGTTGC ATGACCAGCA AGTTTTGGnC TTCTGATGCA CC 112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1482:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 127 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1482:

CAAAAAACAA GTTCTGATAT GCAGTAGCTG AATAATTTTG CTAGTTACAC CAnAGTGATC 60  
 TTCTGGTGTT TTA CTTTTTA TAAATGTTTT CATATATTTT ATATGTATAA AAATGGGATT 120  
 TAGCGTA 127

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1483:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 83 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1483:

AGTGGTGTAT TGGGTGAGTA ATGCTTAACT TCATACCTGG TGCATTGGCT GTTCAGTATC 60  
 ATTATATCTG CATGGGCGAT ACT 83

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1484:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 201 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TATTATTGAT GTTCTTTGGT TCATTCTTTG GTAATAATTT TGCACTTGAA AATTTACAAC 60  
 CGTTAGCTGG AACCTAGnCA AAGGGATGGG TTTAGTGGTC TATTGTGGGT TTATTGGTAT 120  
 5 TCCGTGGGCC ACCCCATGGG GCCATTATGG TTTGGGAATT TTGGGAATAA ATTAATTTnC 180  
 CCAACCAAAA ACCAGGCCAA G 201

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1485:

- 10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 210 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1485:

20 CTCACAGCAA CATCAAAGAG GCAGATATTA GTCAAGTTCA ACGTAATAAC ATCTACCTTC 60  
 ACAAGTCGAT AAAGGAGCAC CATCATTAAT AAGTAGATCA ACAAGTCAAC GAGAATTTTA 120  
 ATGTGCAGAA TAGAGAAGTA CACCACACAn ATAATCAAGC GATGTAATTA CTACTACATT 180  
 25 TnCnCATGACA GAGTGAACCT CAACAGCGGT 210

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1486:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1486:

CAGGTTATGT TTGCATTAGA AGTTCTTGGA AAATCTTTAT GGAACGTGGT TTACACCCTG 60  
 40 ACTTTGAATT GCATCGATCT GATGAAGATA AATGAAATTG AATGGGATGG CCnACATGGA 120  
 ATGCAACCTA TGAATTGGAT GGAATTAGAT GAAGCGGG 158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1487:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 114 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1487:

TTGCAGCATA TAGAGGTAGA GGCATCGCGA CAAAGTTATT AACGTCATTA CTTG

114

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 108 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1488:

TGCTAAGTGA TAAAAAGAAT GATAAGCCAG GTGTACCAAT GGGTCCTGGA TTAGACCATT

60

TGGGAGATAT CGTTGTACCA CATGTTGATC AACTAACGTT nCCACATG

108

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1489:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 112 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1489:

CAAnACGTAA TTTCATGATG AAAGTGGTCG ATAATTTCTT GAAACATCGC TTTCAGTAAT

60

AACGCCTGCT TTAAGGTCAC GTTCCGCATA GGTGTACTGA GGATGTTGAT GT

112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1490:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 265 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1490:

CAGAACGTTT AAAACAAAGT TGGAAAAGTT TTCTAATCGT ATTAGCTGCA TGTTTAATAC

60

TTATTATTGC AAGTGAAACG CTTATTTTCC TTTAGTCATT TGACCGATGT TAAAGAGGTG

120

AGATGGTTAT TTAGAATCAT TGTATTGATT GTTTTTCGG TAGTGATGTT CACAATTTAT

180

ATCTCTTATC ATCATTATAT GAATGACTTT TTAGTTACTA AGTTATTTAA TATTTCCGCA

240

GCGACGCCAt AGTTATTATG TCTAT

265

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1491:

- (A) LENGTH: 113 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1491:

10 CnAAATGGC CAGGGGCTCA TCCAATATTA AAATAGGCGT ACGAGGGATT AATAGACCAC 60  
 CTAATGAAAC GCGTTGGTTG TTGGACCTCC AGATAAATCC TGGGGGTCCG TGG 113

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1492:

15

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 276 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1492:

25 ACTAAGAAAA TCCGAAATCT TTTCCGCTTC TTTTAAATAC GTAATACTTC CTTTTTTTCG 60  
 CTCTAAATGT TTGGCATTCA ACTCATAACT ATTCATTAGT TTCGTTAAGC CTTCTGCATG 120  
 ACTCTCATTT TGAGAAAAAA TTTCCAAATG GTACGAAGAT GTTTCAGGGT TATTCACTGA 180  
 30 GCCACCTGCC AGAAAAGCTC CTCTCAAGTA ACTGCGTCTC ATTTGTCAT CTTGAATCAT 240  
 TGAAATGATC AATTTTCATGG CGnnAAAATG CCGTCT 276

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1493:

35

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 110 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1493:

45 GATGACGAGC GCCAATTATG TCACTTTTAT GGCAAAAGCT GGAACATAAC AACChAGCCT 60  
 GCCAGTAAAA TTGGCAATTG GGACGTTCTT AGCAGGTGCG TCATACATAC 110

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1494:

50

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 200 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1494:

5 AAAAAAAGG TTTTTTACCC GGAATTCCAA AnTTTTAATC CCTTAAAAAA AATTCGGGCC 60  
 AACCCCCAAA CCAAGGTTT TTTCCTTAAC CTTGGAAnTA ACCAAGGTTT TTTTTCAAA 120  
 AAATTTTCCA AAAAAGGAAT TACCCAAACC CTAAAGGTT TAAAATTGG GGGGGGAAAA 180  
 10 AGGCCCTTTT AGGGGGGGAA 200

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1495:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 253 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1495:

20 AAAAAATTTG GTGCATTTAT CATATGGAGT ATTAATCTGT AGAAGTAAAG GCGATATAAA 60  
 TGTTACTTTG GTAATAAAGA TTACAGCGAA CGTTATTATT GCTCAGGTCA GATCAAGAAA 120  
 25 TTGGTGTCCG GGTGACAAGA CTTGGTGGCG CGGTGTAGTT TGTCAGTTGT GTGGTCATCT 180  
 TAAATAACGC TATCGTACGG TGTGTATCAC ATGAAGGGAC TCTTACTAAT TCTGCAAGTA 240  
 30 CACGTCACGC nnt 253

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1496:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 104 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1496:

40 ACGCTAGCTT CTGAAAAAAT AAGTGAAC TA TGGATGCAAT GAnCCTATTCTGTAATGATA 60  
 45 TTAGACGTAG CGCACCTGGT GCAGAACGCC AATAAAAAGA CAAG 104

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1497:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 100 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

AGGGAGGCGC CCAAATGGCT CTATATTAAA AAAGGACTCT CAGAGCATTATGAAAAAGTT 60  
 GAAGCTCAAA AGGAAnCGAA AGAAACAAGT ATCAAAACAT 100

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1498:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 101 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1498:

TGGAACTTTG GGAAGTCAA ACGGTTGTAA TCGTTGAACA TAAAGTTAAA CACATTCTGG 60  
 ATCATGTCCA nCGCGTCCAT TTGATGGATA TAACGGGAAT A 101

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1499:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 127 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1499:

AGTTCTGGTG CATCGTTTTT CATTGTATTT GTGACGATTA TCATTCCAGC ATTAGAATAT 60  
 TATGCATTAT ATTTAGGTGT GATAGGTGCA TTTATAGGTG GTTTAACTGT TTATACACTT 120  
 TCAGGTG 127

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1500:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 560 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1500:

TCCCCGCTTT AATACCTTCC ACGATTTCCTT TAATTGCTTG CGGTTGGTCA CCTTGAGGCT 60  
 CAAAATCAGA ATGTATTTTA AAAGGATAAT GTTCAACCAT TGTCACATAT GCCTCCTCTT 120  
 TCAACGTATT ATTTATATTT CCGCTCAACT CTTTGCTTTC TCATnACATA TnTTAGCAAA 180  
 GTAGTCACAC AAAAaGCAAA CGTTkGTTTCG TAAAAATGTC GAACAAaGAA AnACAAACAT 240

AAATACACAT TATATTAATC ATCATTTTGT TTCAACAAAT TTGTTTGAAA CATTATTTTA 360  
 AAGTTAATCT TAGCGATCTT CATCTTGATG TTTATGAAAT TCGAGTTGAT CTATAATTAA 420  
 5 ATAACCAGCT AATAATGACA CTACATCAAT AAAAATAATC CACTCGTTAT GGAAATACTC 480  
 TTTATAGATT GAGGCACCAA TTAAATTAA TGTCAGAATA GTACCGACCC ATTTACTTCT 540  
 10 TGTATTACA CTAAATAATA 560

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1501:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 102 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1501:

ATTAAATCAT ACTnACAATT ACCGATGACA TTATTCCAAT TCAATCTAAT TCCGTGATGA 60  
 AAGAGCCACG TTTTGGTTAC TTCGTGGGCG TGAATTATTA TG 102

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1502:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1502:

TATGGTAGCT CCAAATGGTT GTATCGTCAC ACCATCATCT TCAAGTGCAA TGCGATGTAA 60  
 TCGATTGGCT GTTGTCTCTG TTACCCATAG TACTTTTTCA TCTGTACTTA AAGCAATACC 120  
 40 ATTTGCTACG CTAATATTTT GAATGATAGG CGTCACTGTT CTAAAGTCCG GCGAAACATA 180  
 ATAAACGCCT CCTAGTGGAT TGGTAGAGTA TCCTCTAAAA TCTGTAAAAT AAAATCCACC 240  
 TTTAGAATCA AATACCATGT CATCAATACA ATATGCTGTT GAAAGATCTT CAATAATATC 300  
 45 TTGTAAGTTG TCACCATTTT CTGTAGCTGC AAAAATGCCT CCnGGAGATT TAAAATCTCC 360  
 nAAAAATAACC AACGnATAAA TCGGGCAnCT TATGGAATTG 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1503:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 168 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1503:

5 TACAGGTAGT TAACAGTTGA TGTTAAATGG CGTACTGGAT TCTTTACGCA CGATTTTTTG 60  
 TTAATAAGTA TGGGATAGCA CATTACTATA TCCTACTTAC GACTTATTGG ATATGTCnTA 120  
 GCTATTCTTA AGCTCGAAAA GTTTCACAGG ATACATAAGG GACCAACT 168

## 10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1504:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 237 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## 20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1504:

CTACTGATTG TGTAATGTCG TTGGTAGGCT TGGGCTGTAC GCAGTATTAG GTGTAGGCAA 60  
 CTTGGCTTTT GGCATCTACC TTGTATGTGT CGTGTATCTA nGGCTGGGGC TTGCTCCTTC 120  
 25 AGTTGTTAGA CAGTAGGGGG TAATCTCAGG GGTGCAATGT ACTCCCTCCG TCCTAAAATA 180  
 CTnTATATGC TCGTGCCGAA TTCCTGCAGC CCGGGGGATC CACTAGTTCT AGAGCGG 237

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1505:

## 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 209 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## 35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1505:

CGCATTTACC ACCATATGAT GGATCCAnCG ACGTTTTAAT AAAGATAAAA GTGACAGTAG 60  
 40 CGGGAAAACA GgnCCATAAT TCACATCTCT TTTGAAAAAT ATGTTCAAGC TAGGATCATT 120  
 AGGAGAGTCA TATTAATAAT AAAAATGTTG CAATCAATCG ACGTGCGTTG AATCTTAAAT 180  
 45 ACATAATAAA TGTTGTAGAA GATATGGGT 209

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1506:

## 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1506:

AAAATGTGGC TATTGATTTT GACTTGGAAC TTTTGAACA TTTCTCTCAA GGATTTAAAT 60  
 5 GTAGGTAACA GGGCAGGTAC TACGGTACTT nCCTATTTTT TTATGCAAAT TTAAAAAAC 120  
 A 121

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1507:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1507:

AATGACAAGG TCAGCATTAA AACCATTAA AAATAAACGC GTTATGGTTA CTGGACGTAT 60  
 20 ACAACGTGTT TTGTTTAAAA ATTATTTAGA TAGACATAGC ACATTTAAGC CGAATGTAAG 120  
 GATATTATTA AAAGAnGTAT TTGT 144

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1508:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 139 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1508:

CCGATTGAAT CTGTGTACAC TTCACCAAAG ATATCTTTCT TCGTTTCTTC AGATAAACTT 60  
 TCCATTGCTT TCTTATCAAC ACTTGTCTTCT ACTAATAAGT GTGTTAATTT GTGCTTnTTA 120  
 40 ACAAACTCAA TAGCTTGTC 139

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1509:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 155 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1509:

TCTGCCTGCC TCGGCCTCCC AAAGTGCTGG CATTACAGGC ATGAGCCACC ATGCCTGGCT 60

CAAGTTAAAA TACAGATGTA AGACTTGACT TGATC

155

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1510:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 87 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1510:

ATCCCAATGC TAATGAATTT GCATATACGA TAAATAATGC TTTTATCAT CAATAAAGCT 60  
 ATGAATCTTT CAAGATCTTC ATTGAAC 87

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1511:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 217 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1511:

ATAGGCGTTT ACCAGTTATT TTCGAATCCA TATAATTATG TTTGTCCGTT TGGTTTAATC 60  
 CAATTAATTG ATTAAGTTTT TCCAATTCCT TTTTTTTTAA TTAAAATTCC AATCCTTAAA 120  
 AAAAATTGGA AAAAAGCCTT AAAAAAATT GGTTAATTTT CCCAAGGGAA TTAAAAATTT 180  
 TGGGGTTTTT TnAGGnCCCT TTTGGGAAAA ACCCAAC 217

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1512:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 101 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1512:

TGACATTGCA TCGGATTATG TTACATCAnG GACAACGGGC CTCAAAAAGC GGTGCACAAA 60  
 CGTTCCGTAA TCATATGCCA GTGCAATCGG ATGTAAAGAG A 101

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1513:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 114 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1513:

GATTTTATTG AAATGATTTT ACCTGTGATC AATTATTGTA ACAAATCTAC AATAAAATTG 60

10 TCTTACTGCA TGACCTAATA AnATAGCAAC AGATATCATA CACACTTGTA ATTT 114

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1514:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15 (A) LENGTH: 77 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1514:

ACATATACAG GTACGTGTTT AGTCCGTCGT ATACTGCAAA ATTATGTCCG ATGAAATTAG 60

25 GGGAAAATTG TAGAACG 77

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1515:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 102 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1515:

CCTTATAAAG TTAATGCAAG CAACATGGAC AAATTATTAn TTGAATAAAC TGCAAGAAAG 60

40 ACAACAATCA TTCTTCGGAA TGCTAGGAGA ATATATTTTA GA 102

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1516:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45 (A) LENGTH: 89 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1516:

CAATTTTAAA TAGGATTTTT AAGACCTTGG TTGGGTTTTG GTACAATTAA TGGGGACATG 60

ACTAGGTCTT GCCACGTTTA TATGCATCT 89

55

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 102 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1517:

GTAAGAGTGC ATAGTTTTTA AATGTTGCTT GTCTGGTnTC ATTTTGGCAC CATACAGTTC 60  
 GTACCTGGAT TAGGGAAATG CCAAATGTCC GCGTAGTGAT AT 102

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 448 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1518:

GAGAACTCCT TACCACAATC AAAAGTAATT GATTTAAATA TATGAGAAGA TAAAATGAAA 60  
 AGGTGCAAGC AGTATTAAGA ATTTAGGTAG CAAGAAAACA AGAAGTGGTA CATACGATGC 120  
 TAACCTAAAA AGAATTGGAG ATTAAAATGA TTATTAACCT TGAAACACAA CAAATACATT 180  
 TTGATTTAGA ACATGAAATT CCCTATTTTC AAGCACCTGA GAAAAATAGG ATACGCTTAG 240  
 ATATTGATGT TCTCAATAAA AAGCnAATTT CTAATATTAT TAATGTTATA TTTAATAACC 300  
 AATCAAAGAC GAAATGTACA TTTTGTCTG AATACTTATA TCCTGTTAAA TTTAGAGAAA 360  
 AAACAAGAAT TGGTCGTTTT TTTAATATTA CTAAGTGGTA CGAAGAAATC CATTCTACCG 420  
 ATGAGAAGTA TGTnATTGCA ACTATTAA 448

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1519:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 304 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1519:

ATGGACGAAA GAAGATGTCA TTGCTTTTGA AAACCTAACA AATATTAAAG TAAATTTAAA 60  
 AGGTAGCGGT TTTGTGTCCC ACCAATCAAT TAGTAAGGGA CAAAACTTA CTGAAAAAGA 120

ATTCAAATTC AGATGGTnAA GAAGAAATCT GACAGTTAAA ACTGACAGGG ATAAGTCGGG 240  
 ACTnAACAGG AATGGGCTAC nTTTAAATTT AGGGATGGTA TTGGGCCACT ATTTGGTTTT 300  
 5 TGAC 304

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 322 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1520:

ATGACGTCGC ATGCACGCGT AcGTAAGCTT GGaTCCTCTA GAGCGGCCGC CCTTTTTTTT 60  
 20 TTTTTTTTTT TTTCTGTTGG CCTTTGATAA TTTTATTGGA TCAGTAACAA CTTTTTGTGT 120  
 TTCAACTAAG ATAGCTAAAA TTCTAACTAT TATATGTAAA AATTACACTC CATTTTAGCA 180  
 CAAATGTTAA CAGAAATTAA CAGCACAGTG CCATGAAGAA ATGAnAAAATA CACAGCTTTG 240  
 25 GTAGGGnAAT GGTCTGGAA ATAATGTAAT GCCAAGTnTC TGATCATTTA ACATATCACT 300  
 CACCTCCTTC TTCATCTGAT GT 322

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1521:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 105 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1521:

TAAATACAAA CCCTTTAAAC ATATTTACTA AGTCGTTCAA TTGTTGATTT GATAAnTGAT 60  
 40 GTGATGTGGT ATTTTGCATC GGTCTGCTT GATTCCAGAC ATGTC 105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1522:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 118 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1522:

GATCGTATTT CCCAGATGTA AATTCnGTGG ACAATTGGCG TCAAATAGCT TCTAGTGG 118

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1523:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 157 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1523:

CnGCATATAA TCCCGCGACA TGTCTTTTAC GGGTGCACCTT GTAATATTAT TACCCCCCGT 60  
 ATAACCCATG TATATCTATA CTTTACCACA TAAAATAATT CCGGGACTAT TTGGCACATG 120  
 TTTTGGGTGA ATTTCTTTAG TGGCACACCA CCCCTGG 157

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1524:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 82 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1524:

ACTGAGGTAG GTTATGTAGG ACGAGATGTT GAAAGTATGG TTAGACATCT TGTGTATCCT 60  
 TGAGTAAGAT TAGTCAAGGC CG 82

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1525:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1525:

GATACAAAAA AGAAGTTCAA TTTGAACTAT GAAGAAATTT ATATTTTAAA TCATATTTTA 60  
 AGAAGTGAGT CTAACGnAAT CTCATCTAAA GAGATTGCTA AGTGCTCAGA GTTCAAACCT 120  
 TACTATTTAA CTAAAGCTTT ACAAAGCTA AAAGATTTAA AATTGTTATC AAAGAAAAGA 180  
 AGTTTACAAG ACGAAAGAAC AGTTATTGTT TATGTTACAG ATACACAAAA AGCAAATATT 240  
 CAAAAACTGA TTTTCAGAATT AGAAGAATAC ATTAAAAATT AAATCAAGGT TAATTGCGTT 300

AAAATTAAC TAAAATTAA ATATTGAAGA GCTTAATTAA

400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1526:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 125 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1526:

ACTGTCTAAT ATTCACTCCC TTAAAGTGTT TTTCATATTT TTCTATTAAAT GTTCATATTG 60  
TAGGGTGTTG AATGCATCTA AGCATtnCAA GTTATTCTCC AAGTTCATCA ATTTCAAAAT 120  
GGAAC 125

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1527:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 112 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1527:

CATGTTTATT TATGTTTCGG CTTTAATGTT GAAGAGTTTT ACAAAGTTTA CCGATTGCAT 60  
TTTATAATTT TAATGCATTA TTGGAGCATT GGCTATCATC TATTACTGCG nA 112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1528:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 115 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1528:

GCGAAGATGA GGATGAGATG ACTAAAGGAA AATATTGAAA AACAACCAA AACTGATGA 60  
ACATTATTAA AAATTTACAA AATCAAATCG ACAACTTGAG CGCAAGAACH AACAG 115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1529:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1529:

5 ATGGATCTTC CGCTTCTCTT AATTGATCAA TTAAATCAGA CATTTTCATGT TTTTGTAAT 60  
 AATGATTTCG TTTAATGGAT TTTTACATG ACATCATGAT TGCTACATCT TCACGTAATT 120  
 10 TTTTGATATC TACTTTTTTC TCTTCCAAAA TTAGCTCAAT CATATCTTTA ATAATTTCTT 180  
 CTACTTCATC TTTAGGGAAC CAACTGGAT AGCTACTTAC AATATAATCA TGACCACCAA 240  
 AATGTTCTAA CATGATACCT ACTTGTGAA GTCATTTTT ATATTGATCA ATGACTAATT 300  
 15 GTTCATCTTT TGAAAAATGA AATGTTAAGG GGATTAATAA ATCTTGTAAT TCATTGGTAA 360  
 CCTCACCTAT TTTATCTCGA AAATATTCAT ATTTATnCT 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1530:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 97 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1530:

30 TAACAGTCAA CCCACCCATT AATATATATT CAACGGCTGA CTGATACGAC GAACGTCAAA 60  
 GAATATGAGA GGAATAGGGA CAAGATCATC ACACATA 97

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1531:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1531:

40 TCATAACGGT GCAACTTAGA GCTGACGTAT AGTTCATTCC AACTATATAC GATGTATCAA 60  
 45 CACCATGTTT CAGTTTTAGG TTAACGATAC TGTATACCGT ATTATGTCAG nGGCACCTTA 120  
 TCTTCACGTA CTTTACGGCG AGATGATGAC 150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1532:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 138 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1532:

5 ATTCAATTCTG CTAACCAGTA AGGCAACCCC GCCAGCCTAG CCGGGTCCTC AACGACAGGA 60  
 GCACGATCAT GCGCACCCGT GGCCAGGACC CAACGCTGCC CGrCCTATCC TGAAGCCAAA 120  
 GGAAATGAGA TCGGAATT 138

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1533:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 460 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1533:

GGGGnCCnGG CAATGGAGGC GTGCTTGGAT GGTGCTTGGA ATCATCCCTT TGGCCTCGAT 60  
 CATAAGCTTA AACTTTTGGT GCTGGnGCCA CTGGAGGGAA ATCTTCAATT CTGGCAAATG 120  
 25 GTAATTnCCT ATACCAACAT TTAAGGCATG TGTAATGCT GGCTACTCCC GCTTCGTTAT 180  
 CAGCTACATG ACAAATACAG ATGCCATCAC CTTTGCCTCC ATTTTAATCG TTGATGCTTG 240  
 GAAATGTTTT TTGTAAATAT CAATGTTATC CTTGCTGTA TGTATCGCAT TTATATCTGG 300  
 30 TAGCAAAAAT GTTCCAACAG AAAGCCCTAT ACCTAGTTCG GCAGCTATTT TGGCAGATGT 360  
 TGCGCTACTA CTTAATAACC ACATTTCTGG AAAATGATCA TGTGTGGTGC ACTACGATCG 420  
 ACTTGATTAT CTTTATTGTT AGATAATACG GAATACGnAA 460

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1534:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 145 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1534:

TACGCTAATA AATAGTTCAC TTTTCCATTT TGTGTAGTCA GTCATTGTA TTCTTCAATT 60  
 TGCTCTTCAT TTAATGCCGC ATAAGCTTGA TCAATAATAT TTGGATTAAAG TTGTCCAATA 120  
 50 TACTCTAACT GGTCATGATA AACAn 145

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1535:

(A) LENGTH: 151 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1535:

10 ACGCGATTTA ATCGTTCGTT CCAACGATGT CCACTCCCCT ACTAATAATT AAAATCATT 60  
 CAAATTATTT CAAACTTTAC AATTnAAACT AACAGTTTTT TCAATAAAAAT GCAAGCTTTT 120  
 CTCATTGTGTT ATTTAGAATG ATTATGATTT A 151

15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1536:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 86 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1536:

25

ATAATAGAAT CATTACAAAT TATTTAGAC TTTACAATTA AGACTAACAG TTTTCTCAAT 60  
 AAAATGCAAG CTTTCTCAT TGTAA 86

30

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1537:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1537:

40

ACCAAAGTGT AAAGCCATAT ACTGAACATA TTGATAGCAT ACTCAATGAG ATCAAATTAC 60  
 ATCGTGAATT TATTATAGAA GTACCTTATA TGAATTCAAG GAAATTTGAG CTACTGATTG 120  
 CTAACATTGA ACAACTTTCT GTCGAATGTC ATTTTAAGCG AACAGTCGA AAGTTATTTA 180  
 TAGAAAAGCT TAAAAGTGTT CAATATGATT TACAAAATAT ATTAGATGGC GTAACACnAG 240  
 AGGGTACTGA TGGTTAAAAC AGTTTATGTA ACAGGTTACA AATCATTCGA ATTAAACATT 300  
 50 TTTaAAGATG ACGCACCTGA AGTACATTAT TTAAAACAAT TTATAAAACA TAAAATTGAA 360  
 CAACTGTnGG ATGAAGGATT AGAATGGGnG TTAATACAAG 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1538:

55

- (A) LENGTH: 136 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1538:

10 ATATCGTTAC TGCTGTATGT TTCAATATCT ATATTCATAA ATTTCAAATn CTGACACCTC 60  
 AATTTCTTTA AAATAAGGGG CAGAACCCAC TATGACTATA GGATCTCTCA CAGGTCAATT 120  
 CGCAAATCAC TCGTGC 136

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1539:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 85 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

20

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1539:

TAAATATCTC GGCACAATGA TGCGGGATAT TTTTTCACAA TAGGCATAAA GGCTGGAAAA 60  
 AACATATCTA GTGCTATGAT ACTTA 85

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1540:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 73 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

35

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1540:

ACAATTTGTT TATTTCAACA AATTATCTTT ATTCCACGAT GTGCACAAGT GGTTGAAATC 60  
 AGCTGAAGAC ACG 73

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1541:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 106 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

50

55 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1541:

TGCAGGAATT CGATATCAAG CTTATCGATA CCGTCGACCT CGAGGn

106

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1542:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 87 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1542:

ACATCAACTC ACCCATAATA TATATTCACG GCTGACTGAT ACGACGAACG TCAAAGAATA 60

TGAGAGGAAT AGGGACAAGA TCATCAC 87

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1543:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 400 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1543:

GCTTATTCTG AAAAATATTT AAATTGAAGA AAAGAATATT CTAACACGG AAGTGGTATT 60

AACTAATAAC TAGTATCCTT TATAAATAAA CATAAAAATA TTCAAACGAA GGTCTACTAA 120

ATAACTATCC ATAAAGTGAG TATAAGTTTG TTTGTAAAAC TGAAGTAAAA AGCATAAGGA 180

ATTACACTTT AAATACATAT AGTACTTACG AATAGAAAAT AATCCCTTCA ACAGTAATTT 240

TTAAACAAAA ATAAGTGTTG TTTTATGTTG ACTCTACTAG AATAACTTGA TATTATATAA 300

AAGTCGTCAA ACGGCACTAA TATTTAnnAA ACAAATGTTT TAAGTTGTTG GATTTnAAAA 360

TATTGAATTA AAGTGTAAT TTGGACTATT GGAAATTGCG 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1544:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 103 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1544:

ATAACGCTAA TCAGCCACAT TCAGTATTGT TAAATGGACA CACAAGCAGT TGATGAAAAT 60

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1545:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 108 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1545:

GGCTGTTATT GTTGTGGAGT TAAAAATGAA GGAAAATTAT AAACATGGTA AGCGTGTTC 60  
 TCGTATTACT TTACTTAAAC nAACGGTATA ACCATACCTA ACTTAGTA 108

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1546:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 554 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1546:

AAnTATGTTT CATATATTAT GAATCTAGCC TTAATCATAT TGCATTCAAA ATAATTTTAA 60  
 AAAATGAAAA GAAAGGATTT AGCATGCAAA AATTCAAAGA CTTTTTTTAC GATGATTTAT 120  
 CGGTTACACG AGGAAATTAT TTTTAACTT TAATGGCAGC ATTTTTTATT ACTATCATTT 180  
 TATTTATCGG CATAGTTGTC AGTGAAGTAC ATTTACTTTA TAGCATGCTA ATTGTATTAG 240  
 TAGGTTTAAT TCTATTGAGG CTATTCAAAA TCAATTTATT CTCTTTTAAA AAATTAACAT 300  
 TGTCTCAAGT TATTTATATT ATAGGCGGTG CACTATTAAT TTATGGGTTA GATAATCTTT 360  
 ATTTATATTT TCATGACGTA CCGGCAATGA ACAACAATTA GAGCAAGCAA TACGGAAATA 420  
 CACCATTCTA TATTTCTATT TtCACTGTaC CATCATCCCC GCTATTGTGG aAGAAaTTGT 480  
 TTTtCGCGGT ATGATAATAA GGGkTATCTT CAGAAAACAC TTGTTTTTAG GGTTAATTGT 540  
 GTCTAGTTTA GTTT 554

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1547:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TAAAGCAACA CTTTAAATCC CTTTGAACCT TAGTTTATCC GCTAAATCAT AAGCTTCTTT 60  
 TTTGCTACTT ACAAAAATCA ATCCTTGTA AATTTACCT GAATATCCAT AGTAATCTGT 120  
 5 CTTTGAATA ATATAATTAA CTCTTTCATC AGAAGTTAAA TATCTCAGTT TAGTTACATC 180  
 ATCTTCTTTA ATACCTTGAT GTACATAATC AGTCACACCA AAATAATGAA ATGGGACATA 240  
 AAATATCACT TTCTAATGCT GCTTGTAACC TTATTTTATA TGCAATATTA TAATCAAACA 300  
 10 GTTCAAATAT ACTTAATTCA TCTGGATCTT TCTGGTGGTA GGCAGGTCAT TCCCAGCAnG 360  
 AACTTAGGGT TTGGAGGTAG GTTAAAATAC TCGGTTGGAT 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1548:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 73 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 20 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1548:

CGCTCTAGAA CTAGTGGATC CCCCAGGCTG CAGGAATTCG GCACAGCATA TCTAGTATTT 60  
 TAGGACGGAG GGA 73

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1549:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 73 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1549:

GTATCCAAGC AGCTTTTAAA CAATATGGCA TAAACATTAT TAACGGCTAT GGTTTAACTG 60  
 ATGGCACCTC TTG 73

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1550:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 120 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 50 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1550:

GTAACATGTA TAGTGAAGTG ACTACTAAGA AGnCGTATTG TGATATTGAT AGCAGCTGAT 120

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1551:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 192 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1551:

GGTATGTATT AATTAAAATG TGGTCATGAT TGAAACAGCA ATGTAAAAAT AGCACAACAT 60  
 AATTnATAAA GGAGAGAAAC GGCATGCATG AACAAAGATTT TAGAATTTTA GAGGGTCAAG 120  
 ATATTACTTT GCCAGAATTA GGTAGAGAAT TAGAnAATAT TACAGGACAT ACGATTGCTG 180  
 ATTCTACTGG CG 192

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1552:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 76 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1552:

CTAAGTTAGA TGCTAGTATA CAAGATTTAC AACAAAAGGT ACTGGAATCG AATTGTGAAC 60  
 TAGACAAACT AAATC 76

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1553:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1553:

TGTGTTGGGG CCCCGTATAT TGAAAATTTG TTATAGGTGT ATTTCTTTGG TTAACATATTG 60  
 TTATATAACT TGTAGTTTTA GGATGTTGAT TTTGCTTACC TTGTCTGCTA TGTAATGTCA 120  
 CATCAACATG ATnA 135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1554:

- (A) LENGTH: 104 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1554:

10 TTTGAAATCA AATTCAC TTC GCAAACGTGT CCAAGCGTGA GCAAAGGGCT AGATGATTAA 60  
TAGTTGCCCC ACTAACGGGA TCGCCCCAGT TATCCAAC TT ATCT 104

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1555:

15

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 100 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1555:

25 AATAAGAAAC AaGACACTAG CTCACCACGA CGCGCACGGC CTGCGTGTA AAATGTTGGT 60  
GGCGCGGGTT GGAGATCGTG TTCAACCAGA GCAGAAAATA 100

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1556:

30

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 86 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1556:

40 CAATGAAATT ATTTATTATT TTAAGTGCAT TAAACCCCGA TGATGGCTGT CCGGTACCAG 60  
GTGCATTTTG GTGCCCATGG TTTACC 86

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1557:

45

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 78 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1557:

55 GTCATGTTCC CATCAAACT AATTTGTACT TACTAAAGGC TCAGCAGCGC AACAATTAGG 60

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1558:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 82 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1558:

AACTGGTTAC AGAAATACCA CGTTCTTGTT TCAACTTTCA TCCAGTCACT TGATCGCAAA 60  
TTTACCAGTC TTCTTCCCTT TA 82

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1559:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 78 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1559:

CCACAGCGGC ACTATAGCCA GCCCCTAATA TATACAGTAT TTGCATCTGA CTCATTGGTT 60  
CATAAGTATA TGCAGTGA 78

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1560:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 76 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1560:

ACCATTTGCT AACTTTTTAG CAGCGCAATG TTCTTATTAA CTGCTTACGC CATCTATAAA 60  
AATAAACGTT CAACAA 76

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1561:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 200 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

TTGGAACCCA AATTTTTTTTA ATTTTCCCAA AAATTGGGGG GGGACCCCCA ATTCCTTTAA 60  
 GGGTTTTCTT TGGGGGCCGG GGGTTAATTC CACCCGGGGT TAAAATTTTC CAAAAATTA 120  
 ATTTTnGAAA AGTTTTTAATT TAAGGAAACC CATTTnGTCCG GAATTTTTTAC CCCATCCTTA 180  
 TGGGGGGTCC CAAAGATTCC 200

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1562:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1562:

AACACAGAGA ATAACCAAGA GAAGACGTTT TCATCTGAAG AAAGTAACAG TAMGCCATTT 60  
 ATGGAAGAAA ATCAAAACGA TGAGATAGTT ATAAAAGAAG ATTCATATAA TCCATTCGTA 120  
 ACGAAAACAT CTGAAAGTTT AATAGCTGAT GATGAATCTT CTGGTTATAA TAATACACGT 180  
 GAAAAAGATG AAGACTACTT CAAAAACAA CAAGAAATTT TACAAGAAAT GGATCAAACA 240  
 TTTGATTCAA ATGATGGTAC AACTGTGCAA AATTATGAGA ATAAAGCGTC TGATGATTAT 300  
 TATGATGTAA ACGATATTAA AGGAACAAAA AGTAAAGACC CTAAACGAGG AATTCCATAT 360  
 ATGGAATTGT TGGnCAGTCA TGGAACGTTA TTATTGCTCA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1563:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1563:

TCTTCATCAT CTTCTAATTT ACCAGCTGGA ATTTCTAGCA ATGGTTTTTC TACTGGTTTA 60  
 CGATACTGTT TCACTAATAC GACTTCTTTT TTAGGTGTCA CTGCACAAAC ArCAACTGCA 120  
 CCATTATGAT AACTAATTC TCTTGTTGAC GTTTCACCGT TTGGTAATGT CACTGTATGA 180  
 ATTTCTACAT CTACAATTTT GCCATTATAA ATAAGTGTTC GATCAATTGT TTTTTCATTT 240  
 AAATCCATTA TAATCACGTT CCTTTAAATT CATATTATAT ATTGATACAC TATGCTTGTT 300  
 AGCTAAAGTG TATCGAAAGG AGAACAGACA TGCAAAAAAA TATATTAAAA AGTGGTATTT 360

AAATTATAGG ATTGTGCTGT TGAAAATGGG TATC

454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1564:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 69 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1564:

ACATCTCGCA TCGTCACGAC TTGCTTGAAC CACTAGCAGG TCAAACAAAG CTGTACAGGC 60

AACATCTGC 69

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1565:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 117 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1565:

TCCAGAACCA TTTTAAATCC CGGGAAATAT AATTACCTCC ACTAAGTAA TATATCCAAG 60

CCAAGACTAA TCCTCCTTAA GCCGGTTTAA GTAACCAGGT TGAGAAGGAT TTTTGG 117

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1566:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 103 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1566:

TATTGAGATT AACAGTCTGG GAAAAATGAA CAGCAATTGT nTAATGTGAC GATGCTGATT 60

ACTTTTAAAC AGTATCATTT AATAACTCAG AGATGCGCTT TAT 103

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1567:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 81 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1567:

5 AATGGATGGG ACACGAATTA GTGCATAACG ACAATATATG CTCAATTTGT CGGCAACTGG 60  
TTAAGAATCG TATTGTCACA A 81

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1568:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 80 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1568:

AATGGATTCA GTAGGTATTG GTGAAGCGCC AGACGCAGCT GATTTGAAAG ATGAAGGTTT 60  
20 ACATACTTTT AGCATACCTT 80

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1569:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 95 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1569:

TTTTTAAATA CGATTTTAAG GAGGCCATTA TAATGGCGAG TAAAAGTAGC GAATTAATGG 60  
35 TTTTGGTTAG GAATTGGTCG TTTAGGCATT CAGGA 95

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1570:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 118 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1570:

CCCAATAAAA AAAGCCTGTT GTCACAATGG TCATAGACAC GTACATACTT TAAAGGTTTC 60  
50 TGTAATATAA ATATTTTATA TGCCACTTTA AAGTTGGnAC GTTCGTATGT TGTACTAA 118

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1571:

55 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 104 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1571:

GACTTGATCA ATGAAGCATT GTGTGACAAT TGGTCTGTTT GCACACCGCA CGGATTGnGC 60

10

GTCATTTATT TGTACTAATT CAAAAAACAT TGTGTGTTTTCT CTAG 104

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1572:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15

(A) LENGTH: 118 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1572:

CCGAAGTGTA ATGGTCCTAA TGTTTTACTC ATACCATATT GCGTAACCAT TGAGCGGCGA 60

25

TTGTGTTGCA CGTCGAGCAT TGAGACCGTT GTACTCGTAA nGTATATCTC TGTACACG 118

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1573:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30

(A) LENGTH: 74 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1573:

AGGGATCAAA GGTCCATCCC CCATGCATTG GATAGTGGGG GATGACTTTT GATCCTATGT 60

TCCAGTTGCT TATT 74

40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1574:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45

(A) LENGTH: 341 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1574:

AACCTTTTGA GTAAATTCAC CAATACTCAT CCCCTTATCA TTAAACAAAC TTTTATTAAT 60

GTTTTTGGTT ATATTATGAG TCTTTACTGC TTTTAGATTG TAAAAATTAT CGTCATAAAT 120

55

GTAATTAATG TAATAATAGA AAAGTGTATA TATCTCATAT CGCCACCTGC TATACAACCTT 240  
 ATTAAATAAT TAATTCCAAG ACATATTAAT TATCTAATTA TAACCTTAGT TnACGTTATT 300  
 5 ACATAATATA AAAATATATA ATAACCTTATC CnCCGGCnCC T 341

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1575:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 109 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1575:

ACGTGTACCA ACTTTTGGGC ACCATTGATA ATAnGTGTCA TAGGGTGACT CAGCATAACG 60  
 20 GGCAAGCCTA TTAATGATAG CCAGATTAAAG ACATACAGTA CATATGTTC 109

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1576:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 79 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1576:

GCTAGATTGC GGGAATTAAC AATCATCAGC GATTTAATAT TTGCACTGGA GACGTCATGG 60  
 TAATAAAAAA TTGATGAGA 79

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1577:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 69 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1577:

ATGATGGCTA TCATGAGATT GAGATGATAA TGACAACAGT TGATTTGAAA TGATCGTGTA 60  
 ACTTTTCAT 69

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1578:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 104 base pairs